



PCT

特許協定に基づいて公開された国別出願

(51) 國際特許分類7 C12N 15/54, 1/21, 9/10, A01H 5/00, C12P 19/18 // (C12N 1/21, C12R 1:19)		A1	(11) 國際公開番号 (43) 國際公開日	WO00/49155 2000年8月24日(24.08.00)
(21) 國際出願番号 PCT/JP00/00876 (22) 國際出願日 2000年2月16日(16.02.00) (30) 優先権データ 特願平11/36801 1999年2月16日(16.02.99) (71) 出願人 (米国を除くすべての指定国について) サントリー株式会社(SUNTORY LIMITED)[JP/JP] 〒530-8203 大阪府大阪市北区堂島浜2丁目1番40号 Osaka, (JP) (72) 発明者 ; および (75) 発明者 / 出願人 (米国についてのみ) 榎原圭子(SAKAKIBARA, Keiko)[JP/JP] 〒617-0002 京都府向日市寺戸町西田中瀬3-1-327 Kyoto, (JP) 福井祐子(FUKUI, Yuko)[JP/JP] 〒617-0002 大阪府三島郡島本町水無瀬2-8-2-907 Osaka, (JP) 田中良和(TANAKA, Yoshikazu)[JP/JP] 〒520-0246 滋賀県大津市仰木の里2-7-4 Shiga, (JP) 久住高章(KUSUMI, Takaaki)[JP/JP] 〒564-0073 大阪府吹田市山手町2-12-21-402 Osaka, (JP) 吉川孝文(YOSHIKAWA, Takafumi)[JP/JP] 〒253-0024 神奈川県茅ヶ崎市平和町6-31 Kanagawa, (JP)		(74) 代理人 石田 敬, 外(ISHIDA, Takashi et al.) 〒105-8423 東京都港区虎ノ門三丁目5番1号 虎ノ門37森ビル 青和特許法律事務所 Tokyo, (JP) (81) 指定国 AU, CA, JP, NZ, US, 歐州特許 (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE) 添付公開書類 国際調査報告書		

(54)Title: GENES ENCODING PROTEINS HAVING ACTIVITY OF TRANSFERRING SUGAR ONTO AURONE

(54)発明の名称 オーロンに糖を転移する活性を有する蛋白質をコードする遺伝子

(57) Abstract

Genes which encode proteins originating in, for example, petunia or antirrhinum and having the amino acid sequences represented by SEQ ID NOS: 2, 8 and 10; a method for expressing the proteins by using these genes, etc. By transferring such a gene into a plant free from this gene, a yellow pigment aurone can be stabilized and thus a plant with yellow flowers can be obtained.

(57)要約

例えば金魚草、ペチュニアなど由来の、糖をオーロンに転移する活性を有する蛋白質であって、配列番号：2、8又は10に記載のアミノ酸配列を有する蛋白質をコードする遺伝子、この遺伝子を用いて前記蛋白質を発現させる方法等を提供する。この遺伝子を、該遺伝子を有しない植物に導入することにより、黄色色素オーロンを安定化させ、黄色を有する花をつける植物が得られる。

PCTに基づいて公開される国際出願のパンフレット第一頁に掲載されたPCT加盟国を同定するために使用されるコード(参考情報)

AE アラブ首長国連邦	DM ドミニカ	KZ カザフスタン	RU ロシア
AG アンティグア・バーブーダ	DZ アルジェリア	LC セントルシア	SD スーダン
AL アルバニア	EE エストニア	LI リヒテンシュタイン	SE スウェーデン
AM アルメニア	ES スペイン	LK スリ・ランカ	SG シンガポール
AT オーストリア	FI フィンランド	LR リベリア	SI スロヴェニア
AU オーストラリア	FR フランス	LS レソト	SK スロバキア
AZ アゼルバイジャン	GA ガボン	LT リトアニア	SL シエラ・レオネ
BA ボスニア・ヘルツェゴビナ	GB 英国	LU ルクセンブルグ	SN セネガル
BB バルバドス	GD グレナダ	LV ラトヴィア	SZ スウェーデン
BE ベルギー	GE グルジア	MA モロッコ	TD チャード
BF ブルギナ・ファソ	GH ガーナ	MC モナコ	TG トーゴ
BG ブルガリア	GM ガンビア	MD モルドヴァ	TJ タジキスタン
BJ ベナン	GN ギニア	MG マダガスカル	TM トルクメニスタン
BR ブラジル	GR ギリシャ	MK マケドニア旧ユーゴスラヴィア	TR トルコ
BY ベラルーシ	GW ギニア・ビサオ	共和国	TT トリニダッド・トバゴ
CA カナダ	HR クロアチア	ML マリ	TZ タンザニア
CF 中央アフリカ	HU ハンガリー	MN モンゴル	UA ウクライナ
CG コンゴー	ID インドネシア	MR モーリタニア	UG ウガンダ
CH スイス	IE アイルランド	MW マラウイ	US 米国
CI コートジボアール	IL イスラエル	MX メキシコ	UZ ウズベキスタン
CM カメルーン	IN インド	MZ モザンビーク	VN ベトナム
CN 中国	IS アイスランド	NE ニジェール	YU ユーゴスラヴィア
CR コスタ・リカ	IT イタリア	NL オランダ	ZA 南アフリカ共和国
CU キューバ	JP 日本	NO ノールウェー	ZW ジンバブエ

明細書

オーロンに糖を転移する活性を有する蛋白質をコードする遺伝子

発明分野

本発明は、オーロンに糖を転移する活性を有する蛋白質をコードする遺伝子、蛋白質及びその利用方法に関するものである。

背景技術

花色は主にフラボノイド、カロテノイド、ベタレインの3種の色素に基づいている。黄色は、主にカロテノイド及びベタレインに由来することが多いが、一部の植物の黄色はフラボノイドに由来する。フラボノイド色素の中で黄色花の発現に関係すると考えられる主な色素は、カルコン類、オーロン類、黄色フラボノール類の三つのグループに分けられる（斎藤、バイオホルティ1、p49-57、1990）。

オーロンは、2つのフェニル基がジヒドロフランの3つの炭素原子を介して結合している物質であり、オーロンとしては、4,6,4'-トリヒドロキシオーロン、オーレウシジン、スルフレチン、ブラックテアチン等が知られている。例えば、金魚草には、オーレウシジンとブラックテアチンが、スターチスにはオーレウシジンが、アサガオにはオーレウシジンが、ダリアにはスルフレチンが、ムギワラギクにはブラックテアチンが、キクイモにはスルフレチンが含まれている。

一般にフラボノイドはアシル化、配糖化、メチル化などの修飾を受けており、カロテノイド、ベタレインも配糖化されていることが多い。さまざまな修飾のうちでも配糖化は、1) 色素の安定性と溶

解性の増大への寄与、2) 色調に大きな影響を及ぼすアシル化のための前段階としての存在、3) 配糖化されたフラボノイドによるコピグメント効果など花色にとって重要な役割を担っている。

金魚草では、フラボノイドの1種である黄色色素オーロン（オーレウシジン、ブラックテアチン）はフラボノイドの7位に対応するその6位を配糖化された形で存在していることが報告されており、また他のオーロンを含む植物でもオーロンは配糖体として存在することから、配糖化はオーロンが安定して存在するためには必要であると考えられる。

フラボノイドへの糖転移酵素遺伝子および酵素活性はさまざまな植物由来のものについて報告がなされている。

例えば、フラボノイドの3位に糖を転移するUDP-グルコース：フラボノイド3-グルコシルトランスフェラーゼ（3GT）をコードする遺伝子は、トウモロコシ、大麦、金魚草をはじめとして多くの植物から得られており、詳細に解析されている（The Flavonoids: Advanced in research since 1986. Published by Chapman & Hall, 1993）。

また、フラボノイドの5位に糖を転移するUDP-グルコース：フラボノイド5-グルコシルトランスフェラーゼ（5GT）をコードする遺伝子は、シソ、トレニア及びバーベナからクローニングされている（国際公開番号：W099/05287）。

しかしながら、フラボノイドの7位に糖を転移するUDP-グルコース：フラボノイド7-グルコシルトランスフェラーゼ（7GT）をコードする遺伝子は、グレープフルーツでフラバノン特異的7-グルコシルトランスフェラーゼの精製の報告があるのみである（Archives of biochemistry and biophysics 282, 1, 1990, 50-57）。

オーロンの6位に糖を転移する酵素について、キク科植物のクレ

オプシス・グラディフロラ (*Creopsis grandiflora*) で、オーロンの一種であるスルフレチンの 6 位に糖を転移する反応を測定した例はある (Plant science 122, 1997, 125-131) が、部分精製標品を用いて酵素学的性質を調べたにとどまっており、純粋な形まで精製された報告はない。

一方、シソ科植物コガネバナの毛状根からフラボンの 1 種である、バイカレイン (baicalein) の 7 位にグルコースを転移する活性を持つ糖転移酵素遺伝子・pS.b UFGT1が単離されたとの報告がある (1997年、第 15 回日本植物細胞分子生物学会発表)。この遺伝子産物は、アントシアニジン及びフラボノールの 7 位にも糖を転移できることが報告されている (第 15 回日本植物細胞分子生物学会発表) が、オーロンに対しては報告されていない。

pS.b UFGT1に相同意の高い遺伝子としては、すでにタバコ由来の IS10a 及び IS5a が報告されている (Plant molecular biology, 31: 1061-1072, 1996) が、7 位への糖転移活性 (7GT 活性) については調べられていない。

今までの報告から、フラボノイドを基質とする糖転移酵素は、フラボノイド間でも基質特異性に大きな差があることが知られている。例えば、リンドウ由来のフラボノイド-3-糖転移酵素遺伝子をクローニングし大腸菌で発現させ、活性を測定したところ、デルフィニジンに対する糖転移活性を 100 % とした際、シアニジンに対しては 61、ペラルゴニジンに対しては 38 % の活性を示し、アントシアニジンに対しては良好な活性である。一方、フラボノールである、ケンフェロール、ケルセチン及びミリセチンに対してはそれぞれ、7.0 %、6.5 % 及び、4.4 % の活性しか示さない。さらに、ジヒドロフラボノールに対しては全く糖を転移しない (Tanaka et al. Plant Cell Physiol. 37, 711, 1996)。

また、ブドウ由来のフラボノイド-3-糖転移酵素遺伝子をクローン化し大腸菌で活性を測定したところ、シアニジンに対するK_mは30 μM、V_{max}は905 nkatal/s/mgであるのに対し、ケルセチンに対するK_mは15 μM、V_{max}は18.9 nkatal/s/mgであり、反応速度に大きな差があった (Ford et al. J. Biol. Chem. 273, 9224, 1998)。

これらの報告は、糖転移酵素はフラボノイドの種類を認識できること、およびあるフラボノイドへの糖転移活性から他のフラボノイドへの糖転移活性を容易に類推できないことを示している。

発明の開示

このように、フラボノイドを基質とする糖転移酵素は、基質特異性に大きな差があり、既に知られている糖転移酵素から、特定のフラボノイドへの糖転移酵素活性を予測することは困難であった。

そこで、本発明者らは、フラボノイド色素のうち、オーロンに糖を転移する活性を有する蛋白質をコードする遺伝子を得ることを課題とし、本発明を完成した。

本発明者らは、コガネバナ由来のpS.b UFGT1遺伝子産物が、オーロンへの糖転移活性を有していることを明らかにし、この遺伝子をプローブとしてさらに金魚草 (*Antirrhinum majus*)よりオーロンに糖を転移する活性を有する蛋白質をコードする遺伝子を取得した。

また、金魚草より得られた該遺伝子をプローブとして、さらにペチュニア (*Petunia hybrida*)よりオーロンに糖を転移する活性を有する蛋白質をコードする遺伝子を2種類取得した。

従って本発明は、オーロンに糖を転移する活性を有する蛋白質をコードする遺伝子を提供する。さらには、配列番号2、8又は10に記載のアミノ酸配列を有するオーロンに糖を転移する活性を有する蛋白質をコードする遺伝子を提供する。

本発明はさらに、配列番号2、8又は10記載のアミノ酸配列に対して1個又は複数個のアミノ酸の付加、欠失及び／又は他のアミノ酸による置換により修飾されているアミノ酸配列を有し、且つオーロンに糖を転移する活性を有している蛋白質をコードする遺伝子を提供する。

本発明はさらに、配列番号：2、8又は10のいずれかに記載のアミノ酸配列をコードする塩基配列又はその部分を有する核酸とストリンジエントな条件下でハイブリダイズし、且つオーロンに糖を転移する活性を有している蛋白質をコードする遺伝子を提供する。

本発明はまた、上記遺伝子を含んでなるベクターを提供する。

本発明はさらに、上記ベクターにより形質転換された宿主を提供する。この宿主は、微生物、植物細胞、動物細胞等の細胞であってもよく、また植物体であってもよい。

本発明はまた、上記宿主を培養、栽培または飼育することによりオーロンに糖を転移する活性を有する蛋白質の製造方法を提供することができる。

本発明はまた、オーロンを有する植物において、上記遺伝子を植物体内に導入し、該遺伝子を発現せしめ、生成した蛋白質により植物体内のオーロンに糖を転移させることにより植物体内におけるオーロンの安定化方法を提供する。

また、オーロンを持たない植物においては、オーロン合成酵素遺伝子を導入し、発現させて新たな色の花を作出する場合も、同様に本発明により得られる遺伝子を発現させることにより、オーロンを安定的に発現させることができる。

図面の簡単な説明

図1はプラスミドpESBGT-1の作製方法を示す図である。

図2はプラスミドpETAmGT1の作製方法を示す図である。

発明の実施の形態

まず、黄色の金魚草の花弁のcDNAライブラリーを作成する。得られたcDNAライブラリーを、コガネバナ由来のフラボノイド7-糖転移酵素遺伝子であるpS.b UFGT1を用いてスクリーニングし、クローンを得る。そして、このクローンから得られるプラスミドを分離し、塩基配列を決定する。

酵素活性を有する蛋白質は、その酵素活性に必須の領域と、酵素活性のために必須でない領域を有し、必須でない領域が1または複数個のアミノ酸の欠失、付加及び／又は他のアミノ酸による置換により修飾されてもその酵素活性が維持されることが知られている。従って、本発明は、配列番号：2、8又は10に示すアミノ酸配列を有する蛋白質のみならず、配列番号：2、8又は10に示すアミノ酸配列において、1個から複数個のアミノ酸配列の欠失、付加、及び／又は他のアミノ酸による置換により修飾されているアミノ酸配列を有し、且つオーロンに糖を転移する活性を有している蛋白質、及び該蛋白質をコードする遺伝子も本発明に含まれる。

修飾されるアミノ酸数は、例えば50個以下、好ましくは30個以下、例えば20個以下又は10個以下である。

本発明の配列番号：2、8又は10に示すアミノ酸配列を有する蛋白質をコードする遺伝子は、cDNAまたはゲノムDNAとして、金魚草又はペチュニアから得ることができる。cDNAのクローニング方法は、実施例2～3及び6に具体的に記載されている。ゲノムDNAを得るには、金魚草又はペチュニアから常法に従ってゲノムライブラリーを作製し、それを前記cDNA又はその断片により常法に従ってスクリーニングすることにより得ることができる。

本発明の配列番号：2、8又は10に示すアミノ酸配列に対して修飾されたアミノ酸配列を有する蛋白質をコードする遺伝子は、配列番号：2、8又は10に示すアミノ酸配列を有する蛋白質をコードするDNA、例えばcDNAの塩基配列を、部位特定変異誘導、PCR法等、遺伝子を操作するため常法に従って修飾することにより作製することができる。

酵素活性を有する蛋白質をコードする遺伝子がクローニングされれば、該遺伝子又はその部分とハイブリダイズする核酸は、同様の酵素活性をコードし且つもとの蛋白質と類似するアミノ酸配列をコードしていることが多い。従って本発明は、配列番号：2、8又は10のいずれかに記載のアミノ酸配列をコードする塩基配列又はその部分を有する核酸とストリンジエントな条件下でハイブリダイズし、且つオーロンに糖を転移する活性を有する蛋白質をコードする遺伝子を提供する。

上記のハイブリダイゼーションの条件において、洗浄条件としては、 $5 \times \text{SSC}$ 、0.1% SDS、50°Cが好ましく、さらに好ましくは $2 \times \text{SSC}$ 、0.1% SDS、50°C、さらに好ましくは $0.1 \times \text{SSC}$ 、0.1% SDS、50°Cである。

また、上記のハイブリダイゼーションにおいて、配列番号：2、8又は10に記載のアミノ酸配列をコードする塩基配列の部分を有する核酸を使用する場合、その核酸の長さは少なくとも17塩基対の長さを有し、好ましくは少なくとも100 塩基対の長さを有する。ハイブリダイゼーションの対象となる核酸としては、例えばコガネバナ、金魚草、ペチュニア、スターチス、アサガオ、ダリア、ムギワラギク、キクイモなどから調製した核酸、好ましくはゲノムDNAライブラリー又はcDNAライブラリーが使用される。

本発明はまた、オーロンへの糖転移活性を有する上記の蛋白質の

製造方法を提供する。この方法は、前記の蛋白質をコードするDNAを含んでなるベクターを宿主に導入し、そして該宿主を培養し、又は成育させ、そして所望により前記蛋白質を採取することを特徴とする。宿主としては宿主細胞でもよく、また植物等の生物体であってもよい。

宿主細胞としては、原核細胞、特に細菌細胞、例えば大腸菌 (*Escherichia coli*)、バシルス (*Bacillus*) 属細菌、例えばバシルス・サブチリス (*Bacillus subtilis*)、バシルス・ブレビス (*Bacillus Brevis*)等、下等真核生物、例えば真菌類、例えば酵母、例えばサッカロミセス (*Saccharomyces*) 属酵母、例えばサッカロミセス・セレビシエ (*Saccharomyces cerevisiae*)、あるいは糸状菌、例えばアスペルギルス (*Aspergillus*) 属糸状菌、例えばアスペルギルス・オリゼー (*Aspergillus oryzae*)、アスペルギルス・ニガー (*Aspergillus niger*)等が挙げられる。

さらに高等真核生物細胞宿主としては、昆虫細胞、例えばカイコの細胞、動物細胞、例えばCHO 細胞、ヒト培養細胞、例えばHeLa細胞等が挙げられる。

本発明の遺伝子はまた、生物体、例えば植物等において発現せしめることができる。

本発明のDNAを含んでなるベクター、特に発現ベクターは発現制御領域を含有し、発現制御領域は宿主細胞に依存する。例えば、細菌発現ベクターのプロモーターとしては、trc プロモーター、tac プロモーター、lac プロモーター、T7プロモーター等を使用することができ、酵母発現ベクターのプロモーターとしては、例えば解糖系酵素遺伝子のプロモーター、例えばグリセロアルデヒド3リン酸デヒドロゲナーゼプロモーター、ガラクトキナーゼプロモーター等を使用することができ、また、動物細胞用発現ベクターのプロモー

ターとしては、ウイルスプロモーターを使用することができる。

培養物から、オーロンに糖を転移する活性を有する蛋白質を採取するには、液体クロマトグラフィー、アフィニティーコロマトグラフィー等、蛋白質の単離、精製に用いられる常用手段を用いることができる。

現在の技術水準をもってすれば、さらに、このcDNAを、構成的なあるいは誘導型のプロモーターの制御下に連結し、アグロバクテリウムを用いるシステムあるいはパーティクルガン、エレクトロポーレーションを用いるシステムで、植物例えばペチュニア、バラ、カーネーション、キク、トレニア、バーベナ、ガーベラ、タバコ、イチゴ、トルコギキョウ、リンドウ、グラジオラス、チューリップ等に導入すれば、花弁などでオーロンに糖を転移する活性を有する蛋白質をコードする遺伝子を発現させることも可能である。

オーロンに糖を転移する活性を有する蛋白質が発現した花弁などではオーロンが配糖化され、オーロンが安定化することが予想される。このようにして得られた植物は、従来の品種には存在しないような色調の花を提供することができる。

また、オーロンを持たない植物においては、オーロン合成酵素遺伝子を導入し、発現させ、さらに本発明のオーロンに糖を転移する活性を有する蛋白質をコードする遺伝子を同時に導入し、発現させることにより、オーロンを安定的に発現させ、黄色の色調を有する新たな植物を提供することができる。前記オーロンを持たない植物としてはペチュニア、トレニア、タバコなどが挙げられる。

実施例

以下に本発明の実施例を示し、発明を詳細に述べる。

実施例1. コガネバナ由来pS.b UFGT1遺伝子産物のオーロンへの

糖転移活性の測定

コガネバナ由来 pS. b UFGT1遺伝子のオーロンへの糖転移活性について、以下に記載の方法により作製した大腸菌での発現ベクター pESBGT-1を用いて測定した。

まず、pS. b UFGT1遺伝子を以下の2種類のプライマーを用いてPCR反応を行い、NdeI及びBamHI サイトを導入した。

5'-ATA ACT ACA TAT GGG ACA ACT CCAC-3' (配列番号: 3)

5'-CAG AAC AGG ATC CAC ACG TAA TTT A-3' (配列番号: 4)

PCR 反応液は、pSBGT-1 300ng、1x Native Pfu DNA ポリメラーゼ反応緩衝液 (Stratagene)、0.2mM dNTPs、プライマー各4pg/μl、Native Pfu DNAポリメラーゼ2.5Uからなる総体積50μlに調整した。反応は、95°Cで3分反応させた後、95°C・1分、50°C・2分及び72°C・2分の反応を1サイクルとし、30サイクルを行い、最後に72°Cで7分間処理した。

得られたPCR 産物をNdeI及びBamHI で消化し、同じくNdeI及びBamHI で消化したpET-3aベクター (Stratagene) と連結し、pESBGT-1を構築した(図1)。pESBGT-1およびpET-3aベクターを用いて、それぞれエピクリアン・コリ (Epicurian Coli) BL21(DE3) (Stratagene)に形質転換した。形質転換株は、アンピシリン50μg/mlを含むLB 培地3mlで37°Cで一晩振とう培養した。その前培養 500μlを、アンピシリン50μg/mlを含むLB 培地50mlに加えA600=0.6~1.0に達するまで培養した後、IPTG (イソプロピル -β-D- チオガラクトピラノシド) を終濃度0.5mM になるよう加え、28°Cで4時間培養し、冷却遠心機 (5000rpm, 10分間、4°C) で、集菌した。

ペレットを5mlの緩衝液 (10mMリン酸ナトリウム、pH6.5, 1mM β-メルカプトエタノール(2-ME)) に懸濁し、超音波破碎機で大腸菌を破碎した後、遠心分離 (15,000rpm, 5分、4°C) し、得られた

上清を粗酵素液とし、以下の酵素反応に用いた。

酵素活性はオーレウシジンに加えて、ナリンゲニン又はルテオリンを基質として測定した。

オーレウシジンについては、以下のように酵素活性を測定した。

粗酵素液50 μ l に0.1M Tris-HCl, pH8.0, 0.05% 2-ME 150 μ l を加え、30°Cで10分間保温した。その後4.66mMオーレウシジン 5 μ l 、5mM UDP-グルコース50 μ l を加え、30°Cで1時間反応させた。5% TFA (トリフルオロ酢酸) を含む90%アセトニトリル 200 μ l を加え、反応を停止させた後、15,000 rpm、3分、4°Cで遠心分離し、得られた上清をフィルター (ポアサイズ0.45 μ m、4 mm Millipore、ミリポア) を用いて不溶物を除去した。これを液体高速クロマトグラフィーで分析した。

分析条件は以下の通りである。カラムはAsahipak-ODP-50 (4.6mm ϕ x 250mm、昭和电工) を用いて、移動相にはA 溶液としてTFA0.1% を含むH₂O、B 溶液としてTFA0.1% を含む90%CH₃CNを用い、B 液20% からB 液100%のリニアグラジェント20分間の後B100% を5分間保持した。流速は0.6ml/min. で行った。検出はA380nm及び島津PDA 検出器SPD-M6A で250-400nm の吸収スペクトルを測定した。

pESBGT-1を発現させた大腸菌の粗抽出液を反応させたものでは、基質のオーレウシジン (保持時間18.1分) に加え、9.7分、12.0分及び13.1分に溶出される新たな物質が検出された。これらはpET-3aベクターを発現させた大腸菌から同様に調製した粗抽出液を反応させたものでは、検出されなかったことからpESBGT-1に由来する蛋白質によって生じた産物と考えられる。これらの産物のうち、12.0分に溶出される物質は、オーレウシジン 6-グリコシドと保持時間および吸収スペクトルが一致した。他の産物においても吸収スペクトルからオーレウシジン配糖化物と判断される。

また、ナリンゲニン及びルテオリンについては以下のように酵素活性を測定した。

粗酵素液 20 μ l、0.1M クエン酸-リン酸緩衝液、pH 6.5、25 μ l ～ 5 μ M の各基質 5 μ l、5 mM UDP-グルコース 25 μ l を含む総体積 250 μ l で 30°C、30分間反応させた。5% TFAを含む90%アセトニトリル 200 μ l を加えて反応を停止させた後、15,000 rpm、3分、4°Cで遠心分離し、得られた上清をフィルター（ポアサイズ0.45 μ m、4 mm Millex-LH、ミリポア）を用いて不溶物を除去した。これを高速液体クロマトグラフィーで分析した。

ナリンゲニンの分析条件は以下の通りである。カラムはYMC J'sphere ODS-M80(4.6mm ϕ x 150mm、YMC)を用いて、移動相にはA 溶液としてTFA0.1%を含むH₂O、B 溶液としてTFA0.1%を含む90%CH₃CNを用いB20%からB80%のリニアグラジェント10分間の後B80%を5分間保持した。流速は0.6ml/min.で行った。検出はA290nm及び島津PDA 検出器SPD-M6Aで250～400nmの吸収スペクトルを測定した。

ルテオリンの分析条件は以下の通りである。YMC J'sphere ODS-M80(4.6mm ϕ x 150mm)を用いて、移動相にはA 溶液としてTFA0.1%を含むH₂O、B 溶液としてTFA0.1%を含む90%CH₃CNを用いB20%からB80%のリニアグラジェント10分間の後B80%を5分間保持した。流速は0.6ml/min.で行った。検出はA330nm及び島津PDA 検出器SPD-M6Aで250～400nmの吸収スペクトルを測定した。

ナリンゲニンを基質とした場合、ナリンゲニン（保持時間 9.7分）に加え、6.9分に溶出される新たな物質が検出された。この物質は、pET-3aベクターを発現させた大腸菌から同様に調製した粗抽出液を反応させたものでは、検出されなかった。ナリンゲニン 7-グリコシドと保持時間は一致したものの吸収スペクトルが一致せず、複数のナリンゲニングルコシドが、それぞれ微量存在しているこ

とが示唆される。

ルテオリンを基質とした場合、ルテオリン（保持時間 9.3分）に加え、 6.4分、 7.7分、 8.0分に溶出されるpET-3aベクターを発現させた大腸菌から同様に調製した粗抽出液を反応させたものでは、検出されなかった新たな物質が検出された。このうち 6.4分に溶出される物質は、ルテオリン7-グリコシドと保持時間が一致した。

以上のことから、コガネバナ由来pS.b UFGT1遺伝子は、オーレウシジンを配糖化できる酵素であることが、明らかになった。また、ルテオリンも配糖化できるが、ナリンゲニンに対しては、ほとんど働かないことが明らかになった。

すでにバイカレイン (baicalein)に対しては、7位に配糖化できることが明らかになっている。バイカレイン (baicalein)に対しては、反応後、ほぼ100%が7配糖化物として検出されるにも関わらず、ナリンゲニンに関してはほとんど反応せず、コガネバナpS.b UFGT1遺伝子発現産物もまた基質特異性の高いことが明らかとなった。

実施例2. 金魚草花弁cDNAライブラリーの構築

花弁のcDNAライブラリーは以下の方法により作製した。黄色の金魚草（エローバタフライ）の新鮮な花弁5 gからR. McGookin らの *Method in Molecular Biology* vol. 2 (Humana Press Inc. 1984) に詳細に示されているチオシアン酸グアニジン・塩化セシウムを用いる方法でRNAを得、オリゴテックスdT30（日本ロシュ）を用いてpolyA+RNAを精製した。このpolyA+RNAから、cDNA合成キット、Uni-XRベクターキット (Stratagene) を用いて、cDNAライブラリーを構築した。得られたライブラリーは、 1.6×10^5 プラーク形成ユニット (pfu)からなっていた。

実施例3. 完全長オーロン糖転移酵素遺伝子の取得

実施例2により得られた金魚草cDNAライブラリーを、コガネバナ

毛状根由来フラボノイド 7-糖転移酵素遺伝子である pS.b UFGT1 の全長を用いてスクリーニングした。ライブラリーのスクリーニングはノンラジオシステムDNA 検出キット (ベーリンガー) を用いて行った。ハイブリダイゼーションは、37°Cで一晩行い、フィルターの洗浄は5 x SSC 、 0.1%SDSを用いて50°Cで30分間行った。約20万プレートをスクリーニングし、最終的に2つのクローンを得た。方法は Molecular Cloning (Sambrook et. al. Cold Spring Harbour Laboratory Press, 1989) によった。

2つのクローンは、まったく同じ長さの配列をコードしていたので、一方を pAmGT1 と名づけ、塩基配列を決定した。

塩基配列はオリゴヌクレオチドプライマーを合成し、DNA Sequencer model 310 (Applied Biosystems) を用いて決定した。塩基配列と推定アミノ酸配列を配列表・配列番号 1 に示した。

pAmGT1 は、481 アミノ酸からなる分子量 53.9kDa の蛋白質をコードする 1751bp の遺伝子 AmGT1 を含んでいた。

実施例 4. 大腸菌における AmGT1 cDNA の発現

AmGT1 遺伝子の発現は、pET System (Stratagene) を用いて行った。

最初に、NdeI 及び BamHI サイトを導入するために、以下に示すプライマー 2 種 pETAmGT5' 及び pETAmGT3' を用いて PCR 反応を行った。

pETAmGT5' : 5'-ATA ACT ACA TAT GGG AAA ACT TCA C-3' (配列番号 : 5)

pETAmGT3' : 5'-GAA CAG GAT CCA CAC ACT AGA AGT CA-3' (配列番号 : 6)

PCR 反応液は、pAmGT1 100ng、1x クローン化 Pfu DNA ポリメラーゼ反応緩衝液 (Stratagene) 、0.2mM dNTPs 、プライマー各 0.5pmo

1/ μ l、クローン化Pfu DNA ポリメラーゼ 5.0 Uからなる総体積 100 μ lに調整した。反応は、95°Cで45秒反応させた後、95°C・45秒、50°C・45秒及び72°C・2分の反応を25サイクル行い、最後に72°Cで10分間処理した。得られたPCR 産物をpCR2.1 TOPO ベクター (IN VITROGEN) にサブクローニングした。

このようにして得られたプラスミドpTOPO-ETAmGT1 のいくつかのクローンをM13 Reverse Primer及びM13(-20)プライマー (TOYOB0) を用いてABI PRISM™ BigDye™ Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit (Applied Biosystems)を用いて反応し、DNA Sequencer model 310 (Applied Biosystems)を用いて、両端の塩基配列を確認した。pTOPO-ETAmGT1 をNdeI、BamHI およびScaIで制限酵素処理し得られた約2.7Kb のフラグメントを pET-3a ベクター (Stratagene) のNdeIとBamHI サイトに連結し、プラスミドpETAmGT1を得た (図2)。pETAmGT1を用いて、エピクリアン・コリ (Epicurian Coli) BL21(DE3) (Stratagene)に形質転換した。

実施例5. AmGT1 cDNA組換え蛋白の糖転移酵素活性の測定

実施例4にて得られた形質転換株は、実施例1に示したように培養、抽出し、酵素活性を測定した。

オーレウシジンを基質とした場合、オーレウシジン (保持時間16.6分) に加え、10.98分、11.27分及び11.85分に溶出される新たな物質が検出された。これらはpET-3aベクターを発現させた大腸菌から同様に調製した粗抽出液を反応させたものでは、検出されなかったことからpESBGT-1に由来する蛋白質によって生じた産物と考えられる。

これらの産物のうち、10.98分に展開される物質は、オーレウシジン 6-グリコシドと 11.85分に展開される物質は、オーレウシジン 4-グリコシドと保持時間が一致した。

以上の結果からAmGT1は、オーレウシジンの6位及び4位を配糖化できることが明らかになった。11.27分に検出される物質についてもその吸収スペクトルからオーレウシジン配糖化物であろうと推察される。

実施例6. ペチュニア由来のオーロン糖転移酵素遺伝子の取得

ペチュニア品種オールドグローリーブルーの花弁由来のcDNA libraryを使用し (Nature 366, 276-279, 1993) 、実施例3で得られた遺伝子AmGT1の全長を用いてスクリーニングした。ライブラリーのスクリーニングはノンラジオシステムDNA検出キット (ベーリンガー) を用いて行った。ハイブリダイゼーションは、37°Cで一晩行い、フィルターの洗浄は5 x SSC, 0.1% SDSを用いて50°Cで30分間行った。約20万プレートをスクリーニングし、最終的に2種類のクローンを得た。方法はMolecular Cloning (Sambrook et. al. Cold Spring Harbour Laboratory Press, 1989)によった。

2種類のクローンをそれぞれpPh7GTa及びpPh7GTbと名づけ、塩基配列を決定した。塩基配列はオリゴヌクレオチドプライマーを合成し、DNA Sequencer model 310 (Applied Biosystems)を用いて決定した。pPh7GTa中の挿入部の塩基配列と推定アミノ酸配列をそれぞれ配列番号：7及び8に示し、そしてpPh7GTb中の挿入部の塩基配列及び推定アミノ酸配列をそれぞれ配列番号：9及び10に示す。

実施例7. オーロン配糖化酵素遺伝子の構造解析

pPh7GTaは、488アミノ酸からなる蛋白質をコードする1750bpの遺伝子Ph7GTaを含んでおり、pPh7GTbは、476アミノ酸からなる蛋白質をコードする1669bpの遺伝子Ph7GTbを含んでいた。得られた推定アミノ酸配列を用いて、実施例3で得られた金魚草由来のAmGT1、コガネバナ由来のpS.b UFGT1と各々比較したところ、Ph7GTaは、AmGT1及びpS.b UFGT1とは、それぞれ50%及び51%の相同性を示し

た。その他にpS. b UFGT1に相同意の高い遺伝子として既に報告されているタバコ由来のIS5a及びIS10aと比較したところ、それぞれ59%及び60%の相同意を示した。同様に、Ph7GTbはAmGT1及びpS. b UFGT1とは、それぞれ59%及び56%の相同意を示し、タバコ由来のIS5a及びIS10aと88%及び86%の相同意を示した。

一方、フラボノイドの3位を配糖化する酵素遺伝子 (Tanaka et al. (1996) Plant Cell and Physiology 37:711-716; Frutek D, Siefelbein JW, Johnston F, Nelson Jr, OE (1988) Plant molecular biology 11:473-481, Wise RP, Rohde W, Salamini F (1990) Plant molecular biology 14:277-279) や、フラボノイドの5位を配糖化する酵素遺伝子 (W099/05287) とは20~25%程度の相同意しかなく、Ph7GTa、Ph7GTbともAmGT1及びpS. b UFGT1と同様にフラボノイド7-糖転移酵素遺伝子と予想された。

実施例8. 大腸菌におけるPh7GTa及びPh7GTbのcDNAの発現

Ph7GTa遺伝子の発現は、pET System (Stratagene) を用いて行った。最初にNdeI及びBamHI サイトを導入するために、以下に示すプライマー2種pETPh7GTa5' [5'-ATA ACT ACA TAT GCC TAT TCC CAC A-3' (配列番号: 11)] 及びpETPh7GTa3' [5'-GAA CAG GAT CCT AAA AGG ACC T-3' (配列番号: 12)] を用いてPCR反応を行った。

PCR反応液は、pAmGT1 100ng, 1xクローン化Pfu DNAポリメラーゼ反応緩衝液 (Stratagene), 0.2mM dNTPs、プライマー各0.5pmol/μl、クローン化Pfu DNAポリメラーゼ5.0Unitからなる総体積100 μlに調整した。反応は、95°Cで45秒反応させた後、95°C・45秒、50°C・45秒、72°C・2分の反応を25サイクル行い、最後に72°Cで10分間処理した。得られたPCR産物をpCR2.1 TOPOベクター (INVITROGEN) にサブクローニングした。このようにして得られたプラス

ミド pTOPO-ETPh7GTaのいくつかのクローンを ABI PRISM™ BigDye™ Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit (Applied Biosystems)を用いて反応し、DNA Sequencer model 310 (Applied Biosystems)を用いて、全塩基配列を確認した。pTOPO-ETPh7GTaをNdeIおよびBamHI で制限酵素処理し得られた約1.7Kb のフラグメントをpET-3aベクター (Stratagene) のNdeIとBamHI サイトに連結し、プラスミドpETPhGTaを得た。

pETPhGTaを用いて、エピクリアン・コリ (Epicurian Coli) BL21 (DE3)(Stratagene)に形質転換した。

同様にしてPh7GTbについてもNdeI、BamHI サイトを導入するためには、以下に示すプライマー 2種 pETPh7GTb5' [5'-ATA ACT ACA TAT GGG TCA GCT CCA-3' (配列番号: 13)] 及び pETPh7GTb3' [5'-CTC GTA CCA TGG AAA ACT ATT CT-3' (配列番号: 14)] を用いてPCR 反応を行った後、同様にしてプラスミドpETPhGTbを得た。

実施例 9. Ph7GTa、Ph7GTb cDNA 組換え蛋白の糖転移酵素活性の測定

実施例 8 にて得られた形質転換株は、実施例 1 に示したように培養、抽出し、酵素活性を測定した。酵素活性は、オーレウシジンを基質として、測定した。酵素活性は実施例 1 で述べたのと同様にして測定した。Ph7GTa及びPh7GTbについては、反応産物としてオーレウシジン 6-グリコシドと保持時間及びスペクトルが一致するピークが検出された。また、Ph7GTaについては、他に吸収スペクトルからオーロン配糖体と予想されるピークが、1種類、Ph7GTbについては、2種類えられた。

以上の結果からPh7GTa及びPh7GTbは、オーレウシジンを配糖化する活性を持つ酵素をコードすることが明らかになった。

産業上の利用可能性

本発明により得られた遺伝子発現産物を用いて、オーロンを配糖化させることができた。これにより、オーロンの植物細胞内における安定発現が可能となった。

請求の範囲

1. オーロンに糖を転移する活性を有する蛋白質をコードする遺伝子。
2. 配列番号 2、8 又は10記載のアミノ酸配列を有し、且つオーロンに糖を転移する活性を有している蛋白質をコードする請求項1記載の遺伝子。
3. 配列番号 2、8 又は10記載のアミノ酸配列に対して1個又は複数個のアミノ酸の付加、欠失及び／又は他のアミノ酸による置換により修飾されているアミノ酸配列を有し、且つオーロンに糖を転移する活性を有している蛋白質をコードする請求項1記載の遺伝子。
4. 配列番号：2、8 又は10に記載のアミノ酸配列をコードする塩基配列又はその部分を有する核酸とストリンジエントな条件下でハイブリダイズし、且つオーロンに糖を転移する活性を有している蛋白質をコードする請求項1に記載の遺伝子。
5. 請求項1～4のいずれか1項に記載の遺伝子を含んでなるベクター。
6. 請求項5に記載のベクターにより形質転換された宿主。
7. 請求項1～4のいずれか1項に記載の遺伝子によってコードされる蛋白質。
8. 請求項6に記載の宿主を培養し、又は成育させ、そして該宿主からオーロンに糖を転移する活性を有する蛋白質を採取することを特徴とする該蛋白質の製造方法。
9. 請求項1～4のいずれか1項に記載の遺伝子が導入された植物もしくはこれと同じ性質を有するその子孫又はそれらの組織。
10. 請求項9に記載の植物またはこれと同じ性質を有するその子

孫の切花。

11. 請求項 7 記載の蛋白質を作用させてオーロンに糖を転移することを特徴とするオーロンの安定化方法。
12. 請求項 1 ~ 4 のいずれか 1 項に記載の遺伝子を植物体内に導入し、該遺伝子を発現せしめ、そして生成した蛋白質により植物体内のオーロンに糖を転移することを特徴とする植物体内におけるオーロンの安定化方法。

国際調査報告

国際出願番号 PCT/JP00/00876

A. 発明の属する分野の分類 (国際特許分類 (IPC))

Int. Cl' C12N 15/54, C12N 1/21, C12N 9/10, A01H 5/00, C12P 19/18
 7/ (C12N 1/21, C12R 1/19)

B. 調査を行った分野

調査を行った最小限資料 (国際特許分類 (IPC))

Int. Cl' C12N 15/54, C12N 1/21, C12N 9/10, A01H 5/00, C12P 19/18

最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの

国際調査で使用した電子データベース (データベースの名称、調査に使用した用語)

WPI/L(DIALOG), BIOSIS(DIALOG), MEDLINE(STN), JOIS, GenBank/EMBL/GeneSeq, SwissProt/PIR/GeneSeq

C. 関連すると認められる文献

引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
A	WO, 99/05287, A1 (SUNTORY LIMITED) 04. 2月. 1999 (04. 02. 99) & EP, 967283, A1 & AU, 9882432, A	1-12
A	HALBWIRTH, H. et al. "Enzymatic glucosylation of 4-deoxyaurones and 6'-deoxychalcones with enzyme extracts of <i>Coreopsis grandiflora</i> , Nutt. I.", Plant Sci. (1997. Jan) Vol. 122, No. 2, p. 125-131	1-12
A	HORVATH, D. M. et al. "Identification of an immediate-early salicylic acid-inducible tobacco gene and characterization of induction by other compounds.", Plant Mol. Biol. (1996. Aug)	1-12

C欄の続きにも文献が列挙されている。

パテントファミリーに関する別紙を参照。

* 引用文献のカテゴリー

「A」特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの

「E」国際出願日前の出願または特許であるが、国際出願日以後に公表されたもの

「L」優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献 (理由を付す)

「O」口頭による開示、使用、展示等に言及する文献

「P」国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願

の日の後に公表された文献

「T」国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの

「X」特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの

「Y」特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの

「&」同一パテントファミリー文献

国際調査を完了した日

08. 03. 00

国際調査報告の発送日

21.03.00

国際調査機関の名称及びあて先

日本国特許庁 (ISA/JP)

郵便番号 100-8915

東京都千代田区霞が関三丁目4番3号

特許庁審査官 (権限のある職員)

高堀 栄二

4N 2937

電話番号 03-3581-1101 内線 3488

C (続き) 関連すると認められる文献		
引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
P, A	Vol. 31, No. 5, p. 1061-1072 Database GenBank Accession No. AB031274, August 18, 1999, Hirotani, M. et al., "Scutellaria baicalensis ufgt mRNA for UDP-glucose:flavonoid 7-O-glucosyltransferase, complete cds."	1-12

Fig. 1

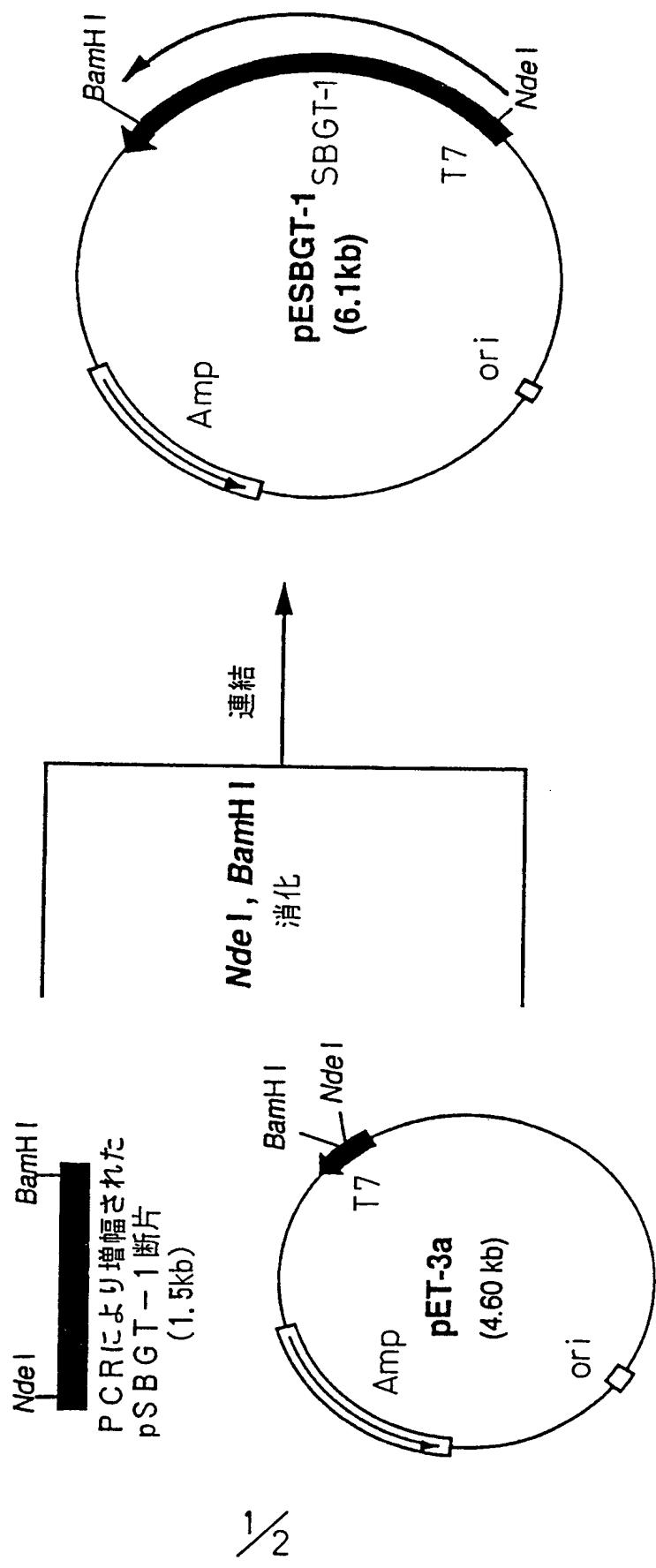
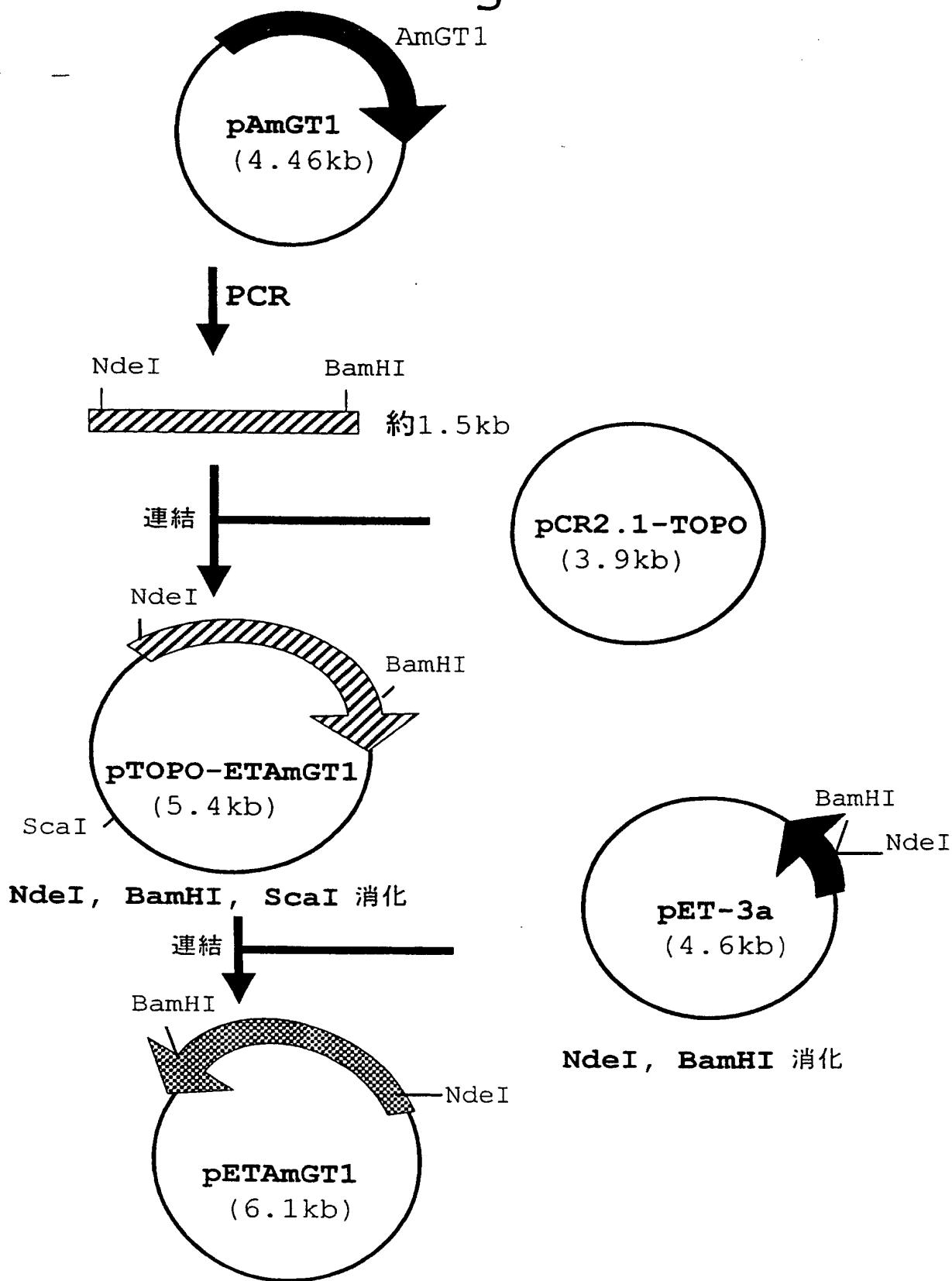


Fig.2



SEQUENCE LISTING

<110> SUNTORY LIMITED

<120> Gene coding for a protein having glycosyl transferase
to aurone

<160> 6

<210> 1

<211> 1751

<212> DNA

<213> *Antirrhinum majus*

<220>

<223> Nucleotide sequence coding for a protein having glycosyl transferase to aurone

<400> 1

ctcacttagt actaaaaacac aaaactgaga acccttcaaa tttccacttg atcatattca 60
attttccctt taaaa atg gga aaa ctt cac att gcc tta ttt cca gtt atg 111
Met Gly Lys Leu His Ile Ala Leu Phe Pro Val Met

1 5 10

gct cat ggt cac atg atc cca atg ttg gac atg gcc aag ctc ttt acc 159
Ala His Gly His Met Ile Pro Met Leu Asp Met Ala Lys Leu Phe Thr

15 20 25

tca aga ggc ata caa aca aca atc att tcg act ctc gcc ttc gct gat 207
Ser Arg Gly Ile Gln Thr Thr Ile Ile Ser Thr Leu Ala Phe Ala Asp

30 35 40

ccg ata aac aaa gct cgt gat tcg ggc ctc gat att gga cta agc atc 255
Pro Ile Asn Lys Ala Arg Asp Ser Gly Leu Asp Ile Gly Leu Ser Ile

45 50 55 60

ctc aaa ttc cca cca gaa gga tca gga ata cca gat cac atg gtg agc 303
Leu Lys Phe Pro Pro Glu Gly Ser Gly Ile Pro Asp His Met Val Ser
65 70 75
_ctt gat cta gtt act gaa gat tgg ctc cca aag ttt gtt gag tca tta 351
Leu Asp Leu Val Thr Glu Asp Trp Leu Pro Lys Phe Val Glu Ser Leu
80 85 90
gtc tta tta caa gag cca gtt gag aag ctt atc gaa gaa cta aag ctc 399
Val Leu Leu Gln Glu Pro Val Glu Lys Leu Ile Glu Glu Leu Lys Leu
95 100 105
gac tgt ctc gtt tcc gac atg ttc ttg cct tgg aca gtc gat tgt gcg 447
Asp Cys Leu Val Ser Asp Met Phe Leu Pro Trp Thr Val Asp Cys Ala
110 115 120
gct aag ttc ggt att ccg agg ttg gtt ttc cac gga acg agc aac ttt 495
Ala Lys Phe Gly Ile Pro Arg Leu Val Phe His Gly Thr Ser Asn Phe
125 130 135 140
gcg ttg tgt gct tcg gag caa atg aag ctt cac aag cct tat aag aat 543
Ala Leu Cys Ala Ser Glu Gln Met Lys Leu His Lys Pro Tyr Lys Asn
145 150 155
gta act tct gat act gag aca ttt gtt ata ccg gat ttc ccg cat gag 591
Val Thr Ser Asp Thr Glu Thr Phe Val Ile Pro Asp Phe Pro His Glu
160 165 170
ctg aag ttt gtg agg act caa gtg gct ccg ttt cag ctt gcg gaa acg 639
Leu Lys Phe Val Arg Thr Gln Val Ala Pro Phe Gln Leu Ala Glu Thr
175 180 185
gag aat gga ttc tca aag ttg atg aaa cag atg acg gag tct gtt ggt 687
Glu Asn Gly Phe Ser Lys Leu Met Lys Gln Met Thr Glu Ser Val Gly
190 195 200

aga agc tac ggt gtt gtg gtt aac agt ttt tat gag ctc gag tcg act 735
Arg Ser Tyr Gly Val Val Val Asn Ser Phe Tyr Glu Leu Glu Ser Thr
205 210 215 220
tat gtg gat tat tac aga gag gtt ttg ggt aga aag tct tgg aat ata 783
Tyr Val Asp Tyr Tyr Arg Glu Val Leu Gly Arg Lys Ser Trp Asn Ile
225 230 235
ggg cct ctg ttg tta tcc aac aat ggc aat gag gaa aaa gta caa agg 831
Gly Pro Leu Leu Leu Ser Asn Asn Gly Asn Glu Glu Lys Val Gln Arg
240 245 250
gga aag gaa tct gcg att ggc gaa cac gaa tgc ttg gct tgg ttg aat 879
Gly Lys Glu Ser Ala Ile Gly Glu His Glu Cys Leu Ala Trp Leu Asn
255 260 265
tcc aag aag cag aat tcg gtt gtt tac gtt tgt ttt gga agt atg gcg 927
Ser Lys Lys Gln Asn Ser Val Val Tyr Val Cys Phe Gly Ser Met Ala
270 275 280
act ttt act cca gcg cag ttg cgc gaa act gcg att gga ctc gag gaa 975
Thr Phe Thr Pro Ala Gln Leu Arg Glu Thr Ala Ile Gly Leu Glu Glu
285 290 295 300
tca ggc caa gag ttc att tgg gta gtt aaa aag gcc aaa aac gaa gaa 1023
Ser Gly Gln Glu Phe Ile Trp Val Val Lys Lys Ala Lys Asn Glu Glu
305 310 315
gaa gga aaa gga aaa gaa gaa tgg ctg cca gaa aat ttt gag gaa aga 1071
Glu Gly Lys Gly Lys Glu Glu Trp Leu Pro Glu Asn Phe Glu Glu Arg
320 325 330
gtg aaa gat aga ggc ttg atc ata aga gga tgg gcg ccg caa ttg ttg 1119
Val Lys Asp Arg Gly Leu Ile Ile Arg Gly Trp Ala Pro Gln Leu Leu
335 340 345

ata ctc gat cat cct gcg gta gga gct ttc gtg acg cat tgt gga tgg 1167
Ile Leu Asp His Pro Ala Val Gly Ala Phe Val Thr His Cys Gly Trp
350 355 360
aat tcg acg ttg gaa gga ata tgc gcc ggt gtg cct atg gtg act tgg 1215
Asn Ser Thr Leu Glu Gly Ile Cys Ala Gly Val Pro Met Val Thr Trp
365 370 375 380
cca gtt ttc gca gag cag ttt ttc aat gag aag ttt gtg aca gag gtt 1263
Pro Val Phe Ala Glu Gln Phe Phe Asn Glu Lys Phe Val Thr Glu Val
385 390 395
ttg ggg acc ggt gtt tcg gtt ggg aat aag aag tgg cta agg gca gca 1311
Leu Gly Thr Gly Val Ser Val Gly Asn Lys Lys Trp Leu Arg Ala Ala
400 405 410
agt gaa ggt gtg tcg agg gag gca gtg acg aac gcg gtg cag cgt gtt 1359
Ser Glu Gly Val Ser Arg Glu Ala Val Thr Asn Ala Val Gln Arg Val
415 420 425
atg gtg gga gaa aat gcg tcg gag atg aga aag cga gcg aag tat tat 1407
Met Val Gly Glu Asn Ala Ser Glu Met Arg Lys Arg Ala Lys Tyr Tyr
430 435 440
aag gaa atg gcg agg cgg gcg gtt gag gaa ggc ggt tcg tct tat aat 1455
Lys Glu Met Ala Arg Arg Ala Val Glu Glu Gly Ser Ser Tyr Asn
445 450 455 460
ggt ttg aat gag atg ata gag gat ttg agt gtg tac cgt gct cca gaa 1503
Gly Leu Asn Glu Met Ile Glu Asp Leu Ser Val Tyr Arg Ala Pro Glu
465 470 475
aaa caa gac tta aac tagattctta tagatgactt ctagtgtgac aattgttaatt 1558
Lys Gln Asp Leu Asn
480

ttttgcctt tattcaagtt tcctcattag tggtagagc tttccctgta tttcagaat 1618
tggtttggc aattttaca tgatttgcg tagatagctg catagttct agctgttaac 1678
attgtttgat catattgagt tgatttaaaa tgagagtagc atgtgatctt cagattaaaa 1738
aaaaaaaaaa aaa 1751

<210> 2

<211> 481

<212> PRT

<213> *Antirrhinum majus*

<220>

<223> Amino acid sequence of a protein having glycosyl transferase to aurone

<400> 2

Met Gly Lys Leu His Ile Ala Leu Phe Pro Val Met Ala His Gly His

1	5	10	15
---	---	----	----

Met Ile Pro Met Leu Asp Met Ala Lys Leu Phe Thr Ser Arg Gly Ile

20	25	30
----	----	----

Gln Thr Thr Ile Ile Ser Thr Leu Ala Phe Ala Asp Pro Ile Asn Lys

35	40	45
----	----	----

Ala Arg Asp Ser Gly Leu Asp Ile Gly Leu Ser Ile Leu Lys Phe Pro

50	55	60
----	----	----

Pro Glu Gly Ser Gly Ile Pro Asp His Met Val Ser Leu Asp Leu Val

65	70	75	80
----	----	----	----

Thr Glu Asp Trp Leu Pro Lys Phe Val Glu Ser Leu Val Leu Gln

85	90	95
----	----	----

Glu Pro Val Glu Lys Leu Ile Glu Glu Leu Lys Leu Asp Cys Leu Val

100	105	110
-----	-----	-----

Ser Asp Met Phe Leu Pro Trp Thr Val Asp Cys Ala Ala Lys Phe Gly
115 120 125
Ile Pro Arg Leu Val Phe His Gly Thr Ser Asn Phe Ala Leu Cys Ala
— 130 135 140
Ser Glu Gln Met Lys Leu His Lys Pro Tyr Lys Asn Val Thr Ser Asp
145 150 155 160
Thr Glu Thr Phe Val Ile Pro Asp Phe Pro His Glu Leu Lys Phe Val
165 170 175
Arg Thr Gln Val Ala Pro Phe Gln Leu Ala Glu Thr Glu Asn Gly Phe
180 185 190
Ser Lys Leu Met Lys Gln Met Thr Glu Ser Val Gly Arg Ser Tyr Gly
195 200 205
Val Val Val Asn Ser Phe Tyr Glu Leu Glu Ser Thr Tyr Val Asp Tyr
210 215 220
Tyr Arg Glu Val Leu Gly Arg Lys Ser Trp Asn Ile Gly Pro Leu Leu
225 230 235 240
Leu Ser Asn Asn Gly Asn Glu Glu Lys Val Gln Arg Gly Lys Glu Ser
245 250 255
Ala Ile Gly Glu His Glu Cys Leu Ala Trp Leu Asn Ser Lys Lys Gln
260 265 270
Asn Ser Val Val Tyr Val Cys Phe Gly Ser Met Ala Thr Phe Thr Pro
275 280 285
Ala Gln Leu Arg Glu Thr Ala Ile Gly Leu Glu Glu Ser Gly Gln Glu
290 295 300
Phe Ile Trp Val Val Lys Lys Ala Lys Asn Glu Glu Glu Gly Lys Gly
305 310 315 320

Lys Glu Glu Trp Leu Pro Glu Asn Phe Glu Glu Arg Val Lys Asp Arg
325 330 335
Gly Leu Ile Ile Arg Gly Trp Ala Pro Gln Leu Leu Ile Leu Asp His
— 340 345 350
Pro Ala Val Gly Ala Phe Val Thr His Cys Gly Trp Asn Ser Thr Leu
355 360 365
Glu Gly Ile Cys Ala Gly Val Pro Met Val Thr Trp Pro Val Phe Ala
370 375 380
Glu Gln Phe Phe Asn Glu Lys Phe Val Thr Glu Val Leu Gly Thr Gly
385 390 395 400
Val Ser Val Gly Asn Lys Lys Trp Leu Arg Ala Ala Ser Glu Gly Val
405 410 415
Ser Arg Glu Ala Val Thr Asn Ala Val Gln Arg Val Met Val Gly Glu
420 425 430
Asn Ala Ser Glu Met Arg Lys Arg Ala Lys Tyr Tyr Lys Glu Met Ala
435 440 445
Arg Arg Ala Val Glu Glu Gly Gly Ser Ser Tyr Asn Gly Leu Asn Glu
450 455 460
Met Ile Glu Asp Leu Ser Val Tyr Arg Ala Pro Glu Lys Gln Asp Leu
465 470 475 480
Asn
<210> 3
<211> 25
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Primer

<400>

ataactacat atggacaac tccac

25

<210> 4

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Primer

<400> 4

cagaacagga tccacacgta attta

25

<210> 5

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Primer

<400> 5

ataactacat atggaaaaac ttcac

25

<210> 6

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Primer

<400> 6

gaacaggatc cacacactag aagtca

26

<210> 7

<211> 1750

<212> DNA

<213> Petunia hybrida

<220>

<223> Nucleotide sequence coding for a protein having glycosyl transferase to aurone

<400> 7

ccaaattctc tgatcttcc actaataatt tccca atg gct att ccc aca gtg 53

Met Ala Ile Pro Thr Val

1 5

caa cca cat ttt gtg ctg ctt cct ttc atg gca caa ggc cat aca aat 101

Gln Pro His Phe Val Leu Leu Pro Phe Met Ala Gln Gly His Thr Asn

10 15 20

ccc atg att gac atc gca cgc cta ttg gca caa cgc gga gtt ata atc 149

Pro Met Ile Asp Ile Ala Arg Leu Leu Ala Gln Arg Gly Val Ile Ile

25 30 35

acc att ctt act aca cac ttt aat gcc act aga ttc aag aca gtc gtt 197

Thr Ile Leu Thr Thr His Phe Asn Ala Thr Arg Phe Lys Thr Val Val

40 45 50

gat cgg gca gta gtg gca gca cta aag att cag gta gtt cac ctc tat 245

Asp Arg Ala Val Val Ala Ala Leu Lys Ile Gln Val Val His Leu Tyr

55 60 65 70

ttt cca agc tta gag gct gga cta cct gaa ggg tgt gaa gct ttc gac 293

Phe Pro Ser Leu Glu Ala Gly Leu Pro Glu Gly Cys Glu Ala Phe Asp

75 80 85

atg ctt cct tca atg gat ttc gca atg aaa ttc ttt gat gct acc agt 341
 Met Leu Pro Ser Met Asp Phe Ala Met Lys Phe Phe Asp Ala Thr Ser
 90 95 100
 agg ctt caa cca caa gtg gaa gaa atg ctt cat gaa ctg caa ccg tca 389
 Arg Leu Gln Pro Gln Val Glu Glu Met Leu His Glu Leu Gln Pro Ser
 105 110 115
 cca agt tgc ata ata tct gat atg tgt ttt cca tgg aca act aat gtt 437
 Pro Ser Cys Ile Ile Ser Asp Met Cys Phe Pro Trp Thr Thr Asn Val
 120 125 130
 gca caa aaa ttc aac att cct agg ctt gtt ttt cat ggg atg tgc tgt 485
 Ala Gln Lys Phe Asn Ile Pro Arg Leu Val Phe His Gly Met Cys Cys
 135 140 145 150
 ttt tct tta ttg tgc ttg cac aat ttg aga gat tgg aag gag ttg gag 533
 Phe Ser Leu Leu Cys Leu His Asn Leu Arg Asp Trp Lys Glu Leu Glu
 155 160 165
 tct gat ata gaa tat ttt caa gtt cca gga tta cat gac aaa att gaa 581
 Ser Asp Ile Glu Tyr Phe Gln Val Pro Gly Leu His Asp Lys Ile Glu
 170 175 180
 tta aac aaa gct cag ctt tca aat att gtt aag cca aga ggt cct gat 629
 Leu Asn Lys Ala Gln Leu Ser Asn Ile Val Lys Pro Arg Gly Pro Asp
 185 190 195
 tgg aat gaa ttt gca gat caa ctg aag aaa gca gaa gaa gaa gct tat 677
 Trp Asn Glu Phe Ala Asp Gln Leu Lys Lys Ala Glu Glu Glu Ala Tyr
 200 205 210
 ggg ata gta gct aat agc ttt gaa gag tta gaa cca gaa tat gtc aag 725
 Gly Ile Val Ala Asn Ser Phe Glu Glu Leu Glu Pro Glu Tyr Val Lys
 215 220 225 230

gga ttg gaa aag gca aaa ggc ttg aaa att tgg cca att ggt cct gtt 773
Gly Leu Glu Lys Ala Lys Gly Leu Lys Ile Trp Pro Ile Gly Pro Val
235 240 245
tct ttg tgc aac aaa gag aaa cag gac aag gct gaa aga gga aac aag 821
Ser Leu Cys Asn Lys Glu Lys Gln Asp Lys Ala Glu Arg Gly Asn Lys
250 255 260
gct tca att gat gaa cac cag tgt cta aaa tgg cta gat tct tgg gga 869
Ala Ser Ile Asp Glu His Gln Cys Leu Lys Trp Leu Asp Ser Trp Gly
265 270 275
gca aac tct gta ctc ttt gta tgt ctc ggg agc cta tcg cgc ctt cca 917
Ala Asn Ser Val Leu Phe Val Cys Leu Gly Ser Leu Ser Arg Leu Pro
280 285 290
acg cca caa atg ata gag ctg gga ctt ggc tta gaa tcg tcg aaa aga 965
Thr Pro Gln Met Ile Glu Leu Gly Leu Gly Leu Glu Ser Ser Lys Arg
295 300 305 310
ccc ttt att tgg gtt gtt aga cac aag tca gat gaa ttt aaa agt tgg 1013
Pro Phe Ile Trp Val Val Arg His Lys Ser Asp Glu Phe Lys Ser Trp
315 320 325
cta gtt gaa gaa aat ttt gag gaa aga gtt aaa gga caa gga ctt tta 1061
Leu Val Glu Glu Asn Phe Glu Glu Arg Val Lys Gly Gln Gly Leu Leu
330 335 340
atc cat ggt tgg gca cca caa gta cta ata tta tct cac act tca att 1109
Ile His Gly Trp Ala Pro Gln Val Leu Ile Leu Ser His Thr Ser Ile
345 350 355
gga gga ttc ttg act cat tgt gga tgg aat tcg agt gtc gaa gga ata 1157
Gly Gly Phe Leu Thr His Cys Gly Trp Asn Ser Ser Val Glu Gly Ile
360 365 370

tct gca ggc gtt cca atg atc act tgg cca atg ttt gct gaa caa ttc 1205
Ser Ala Gly Val Pro Met Ile Thr Trp Pro Met Phe Ala Glu Gln Phe
375 380 385 390
tgt aat gaa agg cta ata gtg aat gta ctg aag aca gga gta aag gct 1253
Cys Asn Glu Arg Leu Ile Val Asn Val Leu Lys Thr Gly Val Lys Ala
395 400 405
gga att gag aat cct gtt atg ttt gga gag gaa gaa aaa gtt gga gca 1301
Gly Ile Glu Asn Pro Val Met Phe Gly Glu Glu Lys Val Gly Ala
410 415 420
caa gtg agc aaa gat gat att aag atg gtt att gaa aga gtc atg ggc 1349
Gln Val Ser Lys Asp Asp Ile Lys Met Val Ile Glu Arg Val Met Gly
425 430 435
gaa gaa gag gaa gct gaa atg aga aga aaa aga gca aaa gag tta gga 1397
Glu Glu Glu Ala Glu Met Arg Arg Lys Arg Ala Lys Glu Leu Gly
440 445 450
gaa aag gca aag agg gct atg gag gaa ggg ggt tcc tca cac ttc aac 1445
Glu Lys Ala Lys Arg Ala Met Glu Glu Gly Gly Ser Ser His Phe Asn
455 460 465 470
ttg aca cag ttg att caa gat gtc act gag caa gca aat att tta aaa 1493
Leu Thr Gln Leu Ile Gln Asp Val Thr Glu Gln Ala Asn Ile Leu Lys
475 480 485
tcc atc taggattata aagtgcattc caagttccctt ttacgatcaa tttctaacc 1549
Ser Ile
tctactagag atggtaacaa tccaaactgc gcctttttg cacaataatt attgtttat 1609
gttcagctag cacaaaaagt ttactattag tagaaatatt tcagctggaa ctgccgaact 1669
gctatgtaca ctgatggAAC aatgtatgtc atgcttattca aattaactct gagctgaaaa 1729
tatcatatag gagctgattt t 1750

<210> 8

<211> 488

<212> PRT

<213> Petunia hybrida

<220>

<223> Amino acid sequence of a protein having glycosyl transferase to aurone

<400> 8

Met Ala Ile Pro Thr Val Gln Pro His Phe Val Leu Leu Pro Phe Met

1 5 10 15

Ala Gln Gly His Thr Asn Pro Met Ile Asp Ile Ala Arg Leu Leu Ala

20 25 30

Gln Arg Gly Val Ile Ile Thr Ile Leu Thr Thr His Phe Asn Ala Thr

35 40 45

Arg Phe Lys Thr Val Val Asp Arg Ala Val Val Ala Ala Leu Lys Ile

50 55 60

Gln Val Val His Leu Tyr Phe Pro Ser Leu Glu Ala Gly Leu Pro Glu

65 70 75 80

Gly Cys Glu Ala Phe Asp Met Leu Pro Ser Met Asp Phe Ala Met Lys

85 90 95

Phe Phe Asp Ala Thr Ser Arg Leu Gln Pro Gln Val Glu Glu Met Leu

100 105 110

His Glu Leu Gln Pro Ser Pro Ser Cys Ile Ile Ser Asp Met Cys Phe

115 120 125

Pro Trp Thr Thr Asn Val Ala Gln Lys Phe Asn Ile Pro Arg Leu Val

130 135 140

Phe His Gly Met Cys Cys Phe Ser Leu Leu Cys Leu His Asn Leu Arg
145 150 155 160
Asp Trp Lys Glu Leu Glu Ser Asp Ile Glu Tyr Phe Gln Val Pro Gly
— 165 170 175
Leu His Asp Lys Ile Glu Leu Asn Lys Ala Gln Leu Ser Asn Ile Val
180 185 190
Lys Pro Arg Gly Pro Asp Trp Asn Glu Phe Ala Asp Gln Leu Lys Lys
195 200 205
Ala Glu Glu Glu Ala Tyr Gly Ile Val Ala Asn Ser Phe Glu Glu Leu
210 215 220
Glu Pro Glu Tyr Val Lys Gly Leu Glu Lys Ala Lys Gly Leu Lys Ile
225 230 235 240
Trp Pro Ile Gly Pro Val Ser Leu Cys Asn Lys Glu Lys Gln Asp Lys
245 250 255
Ala Glu Arg Gly Asn Lys Ala Ser Ile Asp Glu His Gln Cys Leu Lys
260 265 270
Trp Leu Asp Ser Trp Gly Ala Asn Ser Val Leu Phe Val Cys Leu Gly
275 280 285
Ser Leu Ser Arg Leu Pro Thr Pro Gln Met Ile Glu Leu Gly Leu Gly
290 295 300
Leu Glu Ser Ser Lys Arg Pro Phe Ile Trp Val Val Arg His Lys Ser
305 310 315 320
Asp Glu Phe Lys Ser Trp Leu Val Glu Glu Asn Phe Glu Glu Arg Val
325 330 335
Lys Gly Gln Gly Leu Leu Ile His Gly Trp Ala Pro Gln Val Leu Ile
340 345 350

Leu Ser His Thr Ser Ile Gly Gly Phe Leu Thr His Cys Gly Trp Asn

355

360

365

Ser Ser Val Glu Gly Ile Ser Ala Gly Val Pro Met Ile Thr Trp Pro

— 370

375

380

Met Phe Ala Glu Gln Phe Cys Asn Glu Arg Leu Ile Val Asn Val Leu

385

390

395

400

Lys Thr Gly Val Lys Ala Gly Ile Glu Asn Pro Val Met Phe Gly Glu

405

410

415

Glu Glu Lys Val Gly Ala Gln Val Ser Lys Asp Asp Ile Lys Met Val

420

425

430

Ile Glu Arg Val Met Gly Glu Glu Glu Ala Glu Met Arg Arg Lys

435

440

445

Arg Ala Lys Glu Leu Gly Glu Lys Ala Lys Arg Ala Met Glu Glu Gly

450

455

460

Gly Ser Ser His Phe Asn Leu Thr Gln Leu Ile Gln Asp Val Thr Glu

465

470

475

480

Gln Ala Asn Ile Leu Lys Ser Ile

485

<210> 9

<211> 1669

<212> DNA

<213> Petunia hybrida

<220>

<223> Nucleotide sequence coding for a protein having glycosyl transferase to aurone

<400> 9

atctctctct ctctctccctg aaaagaaacc cacaacgggtt ttacttatcc ttttgtttc 60

tgctaaggat tactactagt acacatctt ctttatca aacacttcc aaa atg 116

Met

1

ggt cag ctc cat ttt ttc ttc ttt ccc atg atg gct cat ggc cac atg 164

Gly Gln Leu His Phe Phe Phe Pro Met Met Ala His Gly His Met

5

10

15

att cct aca cta gac atg gct aag ctt ttc gct tca cgt ggt gtt aag 212

Ile Pro Thr Leu Asp Met Ala Lys Leu Phe Ala Ser Arg Gly Val Lys

20

25

30

gcc acc ata atc act act cct ctc aat gaa tca gtt ttc tcc aaa gct 260

Ala Thr Ile Ile Thr Thr Pro Leu Asn Glu Ser Val Phe Ser Lys Ala

35

40

45

att gaa aga aac aag cat gaa att gac atc cgt ttg atc aaa ttc caa 308

Ile Glu Arg Asn Lys His Glu Ile Asp Ile Arg Leu Ile Lys Phe Gln

50

55

60

65

gct gtt gaa aat ggc ttg cct gaa ggt tgt gag cgt att gat ctt atc 356

Ala Val Glu Asn Gly Leu Pro Glu Gly Cys Glu Arg Ile Asp Leu Ile

70

75

80

cct tct gat gac aag ctt tcc aat ttt ttg aaa gct gca gct atg atg 404

Pro Ser Asp Asp Lys Leu Ser Asn Phe Leu Lys Ala Ala Met Met

85

90

95

caa gaa cca ctt gag cag ctt att gaa gaa tgt cat ccc aat tgt ctt 452

Gln Glu Pro Leu Glu Gln Leu Ile Glu Glu Cys His Pro Asn Cys Leu

100

105

110

gtt tct gat atg ttc ctt cct tgg act act gat act gca gcc aag ttt 500

Val Ser Asp Met Phe Leu Pro Trp Thr Thr Asp Thr Ala Ala Lys Phe

115

120

125

aac att cca aga ata gtt ttc cat ggt acg agt ttc ttt gca ctt tgt 548
Asn Ile Pro Arg Ile Val Phe His Gly Thr Ser Phe Phe Ala Leu Cys
130 135 140 145
gta gag aat agt aac agg act aat aag cca ttc aag aac gtc tct tct 596
Val Glu Asn Ser Asn Arg Thr Asn Lys Pro Phe Lys Asn Val Ser Ser
150 155 160
gat tct gaa act ttt gtt gta cca aat ttg cct cac gaa atc agg cta 644
Asp Ser Glu Thr Phe Val Val Pro Asn Leu Pro His Glu Ile Arg Leu
165 170 175
act aga aca caa ttg tct ccg ttt gag caa tca ttg gaa gag aca cca 692
Thr Arg Thr Gln Leu Ser Pro Phe Glu Gln Ser Leu Glu Glu Thr Pro
180 185 190
atg tcc cga atg ata aaa gca gtt agg gaa tcg gac gcg aag agt tat 740
Met Ser Arg Met Ile Lys Ala Val Arg Glu Ser Asp Ala Lys Ser Tyr
195 200 205
gga gtt atc ttc aac agc ttc tat gag ctt gaa tca gat tat gtt gaa 788
Gly Val Ile Phe Asn Ser Phe Tyr Glu Leu Glu Ser Asp Tyr Val Glu
210 215 220 225
cat tat acc aag gtt ctt ggt aga aag tct tgg gct att ggc ccg ctt 836
His Tyr Thr Lys Val Leu Gly Arg Lys Ser Trp Ala Ile Gly Pro Leu
230 235 240
tct ttg tgc aat agg gac att gaa gat aaa gct gaa aga ggg aag att 884
Ser Leu Cys Asn Arg Asp Ile Glu Asp Lys Ala Glu Arg Gly Lys Ile
245 250 255
tcc tct att gat aaa cat gag tgt ttg aat tgg ctt gat tca aag aaa 932
Ser Ser Ile Asp Lys His Glu Cys Leu Asn Trp Leu Asp Ser Lys Lys
260 265 270

cca agt tcc att gtt tat gtt tgc ttc ggg agc gta gca gat ttc act 980
Pro Ser Ser Ile Val Tyr Val Cys Phe Gly Ser Val Ala Asp Phe Thr
275 280 285
gca gca caa atg cgt gaa ctt gca ttg gga att gaa gca tct gga caa 1028
Ala Ala Gln Met Arg Glu Leu Ala Leu Gly Ile Glu Ala Ser Gly Gln
290 295 300 305
gaa ttc att tgg gct gtt aga aga ggc aaa gag gaa caa gac aat gaa 1076
Glu Phe Ile Trp Ala Val Arg Arg Gly Lys Glu Glu Gln Asp Asn Glu
310 315 320
gag tgg ttg cct gaa gga ttc gag gaa aga acg aaa gaa aaa ggt cta 1124
Glu Trp Leu Pro Glu Gly Phe Glu Glu Arg Thr Lys Glu Lys Gly Leu
325 330 335
att att aga gga tgg gcg ccc caa gtg cta att ctt gat cac caa gct 1172
Ile Ile Arg Gly Trp Ala Pro Gln Val Leu Ile Leu Asp His Gln Ala
340 345 350
gtg gga gct ttt gtc act cat tgt ggt tgg aat tca acg ctt gaa gga 1220
Val Gly Ala Phe Val Thr His Cys Gly Trp Asn Ser Thr Leu Glu Gly
355 360 365
gta tca gca ggg gtg cct atg gtg acc tgg cct gtg ttt gca gag caa 1268
Val Ser Ala Gly Val Pro Met Val Thr Trp Pro Val Phe Ala Glu Gln
370 375 380 385
ttt ttc aat gaa aag ttg gtg act gag gtt ttg aga act ggg gct ggt 1316
Phe Phe Asn Glu Lys Leu Val Thr Glu Val Leu Arg Thr Gly Ala Gly
390 395 400
gtt ggt tca atg caa tgg aaa aga tca gct agc gag gga gta aaa agg 1364
Val Gly Ser Met Gln Trp Lys Arg Ser Ala Ser Glu Gly Val Lys Arg
405 410 415

gaa gca ata gct aag gca ata aag aga gtc atg gtg agt gaa gaa gca 1412

Glu Ala Ile Ala Lys Ala Ile Lys Arg Val Met Val Ser Glu Glu Ala

420

425

430

gag gga ttc aga aac cga gct aaa gcc tac aaa gag atg gca aaa caa 1460

Glu Gly Phe Arg Asn Arg Ala Lys Ala Tyr Lys Glu Met Ala Lys Gln

435

440

445

gct att gaa gaa gga gga tct tct tac tct gga ttg act act ttg cta 1508

Ala Ile Glu Glu Gly Gly Ser Ser Tyr Ser Gly Leu Thr Thr Leu Leu

450

455

460

465

caa gat ata agt aca tat agt tcc aaa agt cat taactgcaca actaaaaaaaa 1561

Gln Asp Ile Ser Thr Tyr Ser Ser Lys Ser His

470

475

tgttgtttg ttctatacaa ttttatgtcttttatgcgtgtactaatt taaacatgga 1621

tttagtgaca gcacttttg ttacttctta taatgacatt tcggatgg 1669

<210> 10

<211> 476

<212> PRT

<213> Petunia hybrida

<220>

<223> Amino acid sequence of a protein having glycosyl transferase to aurone

<400> 10

Met Gly Gln Leu His Phe Phe Phe Pro Met Met Ala His Gly His

1

5

10

15

Met Ile Pro Thr Leu Asp Met Ala Lys Leu Phe Ala Ser Arg Gly Val

20

25

30

Lys Ala Thr Ile Ile Thr Thr Pro Leu Asn Glu Ser Val Phe Ser Lys
35 40 45
Ala Ile Glu Arg Asn Lys His Glu Ile Asp Ile Arg Leu Ile Lys Phe
— 50 55 60
Gln Ala Val Glu Asn Gly Leu Pro Glu Gly Cys Glu Arg Ile Asp Leu
65 70 75 80
Ile Pro Ser Asp Asp Lys Leu Ser Asn Phe Leu Lys Ala Ala Ala Met
85 90 95
Met Gln Glu Pro Leu Glu Gln Leu Ile Glu Glu Cys His Pro Asn Cys
100 105 110
Leu Val Ser Asp Met Phe Leu Pro Trp Thr Thr Asp Thr Ala Ala Lys
115 120 125
Phe Asn Ile Pro Arg Ile Val Phe His Gly Thr Ser Phe Phe Ala Leu
130 135 140
Cys Val Glu Asn Ser Asn Arg Thr Asn Lys Pro Phe Lys Asn Val Ser
145 150 155 160
Ser Asp Ser Glu Thr Phe Val Val Pro Asn Leu Pro His Glu Ile Arg
165 170 175
Leu Thr Arg Thr Gln Leu Ser Pro Phe Glu Gln Ser Leu Glu Glu Thr
180 185 190
Pro Met Ser Arg Met Ile Lys Ala Val Arg Glu Ser Asp Ala Lys Ser
195 200 205
Tyr Gly Val Ile Phe Asn Ser Phe Tyr Glu Leu Glu Ser Asp Tyr Val
210 215 220
Glu His Tyr Thr Lys Val Leu Gly Arg Lys Ser Trp Ala Ile Gly Pro
225 230 235 240

Leu Ser Leu Cys Asn Arg Asp Ile Glu Asp Lys Ala Glu Arg Gly Lys

245 250 255

Ile Ser Ser Ile Asp Lys His Glu Cys Leu Asn Trp Leu Asp Ser Lys

— 260 265 270

Lys Pro Ser Ser Ile Val Tyr Val Cys Phe Gly Ser Val Ala Asp Phe

275 280 285

Thr Ala Ala Gln Met Arg Glu Leu Ala Leu Gly Ile Glu Ala Ser Gly

290 295 300

Gln Glu Phe Ile Trp Ala Val Arg Arg Gly Lys Glu Glu Gln Asp Asn

305 310 315 320

Glu Glu Trp Leu Pro Glu Gly Phe Glu Glu Arg Thr Lys Glu Lys Gly

325 330 335

Leu Ile Ile Arg Gly Trp Ala Pro Gln Val Leu Ile Leu Asp His Gln

340 345 350

Ala Val Gly Ala Phe Val Thr His Cys Gly Trp Asn Ser Thr Leu Glu

355 360 365

Gly Val Ser Ala Gly Val Pro Met Val Thr Trp Pro Val Phe Ala Glu

370 375 380

Gln Phe Phe Asn Glu Lys Leu Val Thr Glu Val Leu Arg Thr Gly Ala

385 390 395 400

Gly Val Gly Ser Met Gln Trp Lys Arg Ser Ala Ser Glu Gly Val Lys

405 410 415

Arg Glu Ala Ile Ala Lys Ala Ile Lys Arg Val Met Val Ser Glu Glu

420 425 430

Ala Glu Gly Phe Arg Asn Arg Ala Lys Ala Tyr Lys Glu Met Ala Lys

435 440 445

Gln Ala Ile Glu Glu Gly Gly Ser Ser Tyr Ser Gly Leu Thr Thr Leu

450

455

460

Leu Gln Asp Ile Ser Thr Tyr Ser Ser Lys Ser His

465

470

475

<210> 11

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Primer

<400> 11

ataactacat atggcttattc ccaca

25

<210> 12

<211> 22

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Primer

<400> 12

gaacaggatc ctaaaaggac ct

22

<210> 13

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Primer

<400> 13

ataactacat atgggtcagc tcca

<210> 14

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Primer

<400> 14

ctcgtaccat ggaaaactat tct

23

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP00/00876

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

Int.Cl⁷ C12N 15/54, C12N 1/21, C12N 9/10, A01H 5/00, C12P 19/18
//(C12N 1/21, C12R 1:19)

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

Int.Cl⁷ C12N 15/54, C12N 1/21, C12N 9/10, A01H 5/00, C12P 19/18

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)
WPI/L(DIALOG), BIOSIS(DIALOG), MEDLINE(STN), JOIS, GenBank/EMBL/GeneSeq, Swiss Prot/PIR/GeneSeq

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	WO, 99/05287, A1 (SUNTORY LIMITED), 04 February, 1999 (04.02.99) & EP, 967283, A1 & AU, 9882432, A	1-12
A	HALBWIRTH, H. et al. "Enzymatic glucosylation of 4-deoxyaurones and 6'-deoxychalcones with enzyme extracts of Coreopsis grandiflora, Nutt. I.", Plant Sci. (1997. Jan) Vol.122, No.2, p.125-131	1-12
A	HORVATH, D. M. et al. "Identification of an immediate-early salicylic acid-inducible tobacco gene and characterization of induction by other compounds.", Plant Mol. Biol. (August 1996) Vol.31, No.5, p.1061-1072	1-12
P, A	Database GenBank Accession No. AB031274, August 18, 1999, Hirotani, M. et al., "Scutellaria baicalensis ufgt mRNA for UDP-glucose:flavonoid 7-O-glucosyltransferase, complete cds."	1-12

Further documents are listed in the continuation of Box C.

See patent family annex.

* Special categories of cited documents:	
"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance	"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
"E" earlier document but published on or after the international filing date	"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)	"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art
"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means	"&" document member of the same patent family
"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed	

Date of the actual completion of the international search
08 March, 2000 (08.03.00)

Date of mailing of the international search report
21. 03. 00

Name and mailing address of the ISA/
Japanese Patent Office

Authorized officer

Facsimile No.

Telephone No.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP98/03199

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

Int.Cl⁶ C12N15/54, C12N9/10, A01H1/00

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

Int.Cl⁶ C12N15/54, C12N9/10, A01H1/00

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)
SwissProt/PIR/GeneSeq

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	EP, 771878, A1 (PLANT GENETIC SYSTEMS NV), 7 May, 1997 (07. 05. 97) & WO, 97/16559, A1	1-11
A	Science. Vol. 265 (1994) Szerszen, J.B et al., "iaglu, a gene from Zea mays involved in conjugation of growth hormone indole-3-acetic acid." p.1699-1701	1-11
A	WO, 96/00291, A1 (RESEARCH CORP TECHNOLOGIES INC.), 4 January, 1996 (04. 01. 96)	1-11

 Further documents are listed in the continuation of Box C. See patent family annex.

* Special categories of cited documents:	
"A"	document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
"E"	earlier document but published on or after the international filing date
"L"	document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
"O"	document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
"P"	document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed
"T"	later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
"X"	document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
"Y"	document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art
"&"	document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search
18 September, 1998 (18. 09. 98)Date of mailing of the international search report
29 September, 1998 (29. 09. 98)Name and mailing address of the ISA/
Japanese Patent Office

Authorized officer

Facsimile No.

Telephone No.

A. 発明の属する分野の分類 (国際特許分類 (IPC))
Int.Cl^e C12N15/54, C12N9/10, A01H1/00

B. 調査を行った分野

調査を行った最小限資料 (国際特許分類 (IPC))
Int.Cl^e C12N15/54, C12N9/10, A01H1/00

最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの

国際調査で使用した電子データベース (データベースの名称、調査に使用した用語)
SwissProt/PIR/GeneSeq

C. 関連すると認められる文献

引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
A	EP, 771878, A1 (PLANT GENETIC SYSTEMS NV) 7.5月. 1997 (07.05.97) & WO, 97/16559, A1	1-11
A	Science. vol. 265 (1994) Szerszen, J. B et al. [iaglu, a gene from Zea mays involved in conjugation of growth hormone indole-3-acetic acid.] p. 1699-1701	1-11
A	WO, 96/00291, A1 (RESEARCH CORP TECHNOLOGIES INC.) 4. 1月. 1996 (04.01.96)	1-11

C欄の続きにも文献が列挙されている。

パテントファミリーに関する別紙を参照。

* 引用文献のカテゴリー

「A」特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの

「E」先行文献ではあるが、国際出願日以後に公表されたもの

「L」優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献 (理由を付す)

「O」口頭による開示、使用、展示等に言及する文献

「P」国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願

の日の後に公表された文献

「T」国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの

「X」特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの

「Y」特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの

「&」同一パテントファミリー文献

国際調査を完了した日

18. 09. 98

国際調査報告の発送日

29.09.98

国際調査機関の名称及びあて先

日本国特許庁 (ISA/JP)

郵便番号 100-8915

東京都千代田区霞が関三丁目4番3号

特許庁審査官 (権限のある職員)

新見 浩一

印

4 B 9162

電話番号 03-3581-1101 内線 3448

特許協力条約

E P

U S

P C T

国際調査報告

(法8条、法施行規則第40、41条)
[PCT18条、PCT規則43、44]

出願人又は代理人 の書類記号 H 8 0 2 - P C T	今後の手続きについては、国際調査報告の送付通知様式(PCT/ISA/220)及び下記5を参照すること。	
国際出願番号 PCT/JP 00/00876	国際出願日 (日.月.年) 16.02.00	優先日 (日.月.年) 16.02.99
出願人 (氏名又は名称) サントリー株式会社		

国際調査機関が作成したこの国際調査報告を法施行規則第41条 (PCT18条) の規定に従い出願人に送付する。
この写しは国際事務局にも送付される。

この国際調査報告は、全部で 3 ページである。 この調査報告に引用された先行技術文献の写しも添付されている。

1. 国際調査報告の基礎
 - a. 言語は、下記に示す場合を除くほか、この国際出願がされたものに基づき国際調査を行った。
 この国際調査機関に提出された国際出願の翻訳文に基づき国際調査を行った。
 - b. この国際出願は、ヌクレオチド又はアミノ酸配列を含んでおり、次の配列表に基づき国際調査を行った。
 この国際出願に含まれる書面による配列表
 この国際出願と共に提出されたフレキシブルディスクによる配列表
 出願後に、この国際調査機関に提出された書面による配列表
 出願後に、この国際調査機関に提出されたフレキシブルディスクによる配列表
 出願後に提出した書面による配列表が出願時における国際出願の開示の範囲を超える事項を含まない旨の陳述書の提出があった。
 書面による配列表に記載した配列とフレキシブルディスクによる配列表に記録した配列が同一である旨の陳述書の提出があった。
2. 請求の範囲の一部の調査ができない (第I欄参照)。
3. 発明の単一性が欠如している (第II欄参照)。
4. 発明の名称は
 出願人が提出したものと承認する。
 次に示すように国際調査機関が作成した。

5. 要約は
 出願人が提出したものと承認する。
 第III欄に示されているように、法施行規則第47条 (PCT規則38.2(b)) の規定により国際調査機関が作成した。出願人は、この国際調査報告の発送の日から1ヶ月以内にこの国際調査機関に意見を提出することができる。
6. 要約書とともに公表される図は、
第 _____ 図とする。
 出願人が示したとおりである. なし
 出願人は図を示さなかった。
 本図は発明の特徴を一層よく表している。

A. 発明の属する分野の分類(国際特許分類(IPC))

Int. Cl' C12N 15/54, C12N 1/21, C12N 9/10, A01H 5/00, C12P 19/18
//(C12N 1/21, C12R 1:19)

B. 調査を行った分野

調査を行った最小限資料(国際特許分類(IPC))

Int. Cl' C12N 15/54, C12N 1/21, C12N 9/10, A01H 5/00, C12P 19/18

最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの

国際調査で使用した電子データベース(データベースの名称、調査に使用した用語)

WPI/L(DIALOG), BIOSIS(DIALOG), MEDLINE(STN), JOIS, GenBank/EMBL/GeneSeq, SwissProt/PIR/GeneSeq

C. 関連すると認められる文献

引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
A	WO, 99/05287, A1 (SUNTORY LIMITED) 04. 2月. 1999 (04. 02. 99) & EP, 967283, A1 & AU, 9882432, A	1-12
A	HALBWIRTH, H. et al. "Enzymatic glucosylation of 4-deoxyaurones and 6'-deoxychalcones with enzyme extracts of <i>Coreopsis grandiflora</i> , Nutt. I.", Plant Sci. (1997. Jan) Vol. 122, No. 2, p. 125-131	1-12
A	HORVATH, D. M. et al. "Identification of an immediate-early salicylic acid-inducible tobacco gene and characterization of induction by other compounds.", Plant Mol. Biol. (1996. Aug)	1-12

 C欄の続きにも文献が列挙されている。 パテントファミリーに関する別紙を参照。

* 引用文献のカテゴリー

「A」特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの

「E」国際出願日前の出願または特許であるが、国際出願日以後に公表されたもの

「L」優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献(理由を付す)

「O」口頭による開示、使用、展示等に言及する文献

「P」国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願

の日の後に公表された文献

「T」国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの

「X」特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの

「Y」特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの

「&」同一パテントファミリー文献

国際調査を完了した日

08. 03. 00

国際調査報告の発送日

21.03.00

国際調査機関の名称及びあて先

日本国特許庁 (ISA/JP)

郵便番号 100-8915

東京都千代田区霞が関三丁目4番3号

特許庁審査官(権限のある職員)

高堀 栄二

4N 2937



電話番号 03-3581-1101 内線 3488

C (続き) 関連すると認められる文献		関連する 請求の範囲の番号
引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	
P, A	Vol. 31, No. 5, p. 1061-1072 Database GenBank Accession No. AB031274, August 18, 1999, Hirotani, M. et al., "Scutellaria baicalensis ufgt mRNA for UDP-glucose:flavonoid 7-O-glucosyltransferase, complete cds."	1-12

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP00/00876

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

Int.Cl⁷ C12N 15/54, C12N 1/21, C12N 9/10, A01H 5/00, C12P 19/18
//(C12N 1/21, C12R 1:19)

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

Int.Cl⁷ C12N 15/54, C12N 1/21, C12N 9/10, A01H 5/00, C12P 19/18

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)
WPI/L (DIALOG), BIOSIS (DIALOG), MEDLINE (STN), JOIS, GenBank/EMBL/GeneSeq, Swiss Prot/PIR/GeneSeq

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	WO, 99/05287, A1 (SUNTORY LIMITED), 04 February, 1999 (04.02.99) & EP, 967283, A1 & AU, 9882432, A	1-12
A	HALBWIRTH, H. et al. "Enzymatic glucosylation of 4-deoxyaurones and 6'-deoxychalcones with enzyme extracts of Coreopsis grandiflora, Nutt. I.", Plant Sci. (1997. Jan) Vol. 122, No. 2, p. 125-131	1-12
A	HORVATH, D. M. et al. "Identification of an immediate-early salicylic acid-inducible tobacco gene and characterization of induction by other compounds.", Plant Mol. Biol. (August 1996) Vol. 31, No. 5, p. 1061-1072	1-12
P, A	Database GenBank Accession No. AB031274, August 18, 1999, Hirotani, M. et al., "Scutellaria baicalensis ufgt mRNA for UDP-glucose:flavonoid 7-O-glucosyltransferase, complete cds."	1-12

 Further documents are listed in the continuation of Box C. See patent family annex.

* Special categories of cited documents:

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier document but published on or after the international filing date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art

"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search
08 March, 2000 (08.03.00)Date of mailing of the international search report
21. 03. 00Name and mailing address of the ISA/
Japanese Patent Office

Authorized officer

Facsimile No.

Telephone No.

CK

PATENT COOPERATION TREATY

PCT

NOTICE INFORMING THE APPLICANT OF THE
COMMUNICATION OF THE INTERNATIONAL
APPLICATION TO THE DESIGNATED OFFICES

(PCT Rule 47.1(c), first sentence)

From the INTERNATIONAL BUREAU

To:

ISHIDA, Takashi
 A. Aoki, Ishida & Associates
 Toranomon 37 Mori Building
 5-1, Toranomon 3-chome
 Minato-ku
 Tokyo 105-8423
 JAPON



23

Date of mailing (day/month/year) 24 August 2000 (24.08.00)		
Applicant's or agent's file reference H802-PCT		
International application No. PCT/JP00/00876	International filing date (day/month/year) 16 February 2000 (16.02.00)	Priority date (day/month/year) 16 February 1999 (16.02.99)
Applicant SUNTORY LIMITED et al		

IMPORTANT NOTICE

1. Notice is hereby given that the International Bureau has communicated, as provided in Article 20, the international application to the following designated Offices on the date indicated above as the date of mailing of this Notice:
AU,US

In accordance with Rule 47.1(c), third sentence, those Offices will accept the present Notice as conclusive evidence that the communication of the international application has duly taken place on the date of mailing indicated above and no copy of the international application is required to be furnished by the applicant to the designated Office(s).

2. The following designated Offices have waived the requirement for such a communication at this time:
CA,EP,JP,NZ

The communication will be made to those Offices only upon their request. Furthermore, those Offices do not require the applicant to furnish a copy of the international application (Rule 49.1(a-bis)).

3. Enclosed with this Notice is a copy of the international application as published by the International Bureau on
24 August 2000 (24.08.00) under No. WO 00/49155

REMINDER REGARDING CHAPTER II (Article 31(2)(a) and Rule 54.2)

If the applicant wishes to postpone entry into the national phase until 30 months (or later in some Offices) from the priority date, a demand for international preliminary examination must be filed with the competent International Preliminary Examining Authority before the expiration of 19 months from the priority date.

It is the applicant's sole responsibility to monitor the 19-month time limit.

Note that only an applicant who is a national or resident of a PCT Contracting State which is bound by Chapter II has the right to file a demand for international preliminary examination.

REMINDER REGARDING ENTRY INTO THE NATIONAL PHASE (Article 22 or 39(1))

If the applicant wishes to proceed with the international application in the national phase, he must, within 20 months or 30 months, or later in some Offices, perform the acts referred to therein before each designated or elected Office.

For further important information on the time limits and acts to be performed for entering the national phase, see the Annex to Form PCT/IB/301 (Notification of Receipt of Record Copy) and Volume II of the PCT Applicant's Guide.

The International Bureau of WIPO 34, chemin des Colombettes 1211 Geneva 20, Switzerland Facsimile No. (41-22) 740.14.35	Authorized officer J. Zahra Telephone No. (41-22) 338.83.38
--	---

特許協力条約に基づく国際出願願書

原本（出願用） - 印刷日時 2000年02月16日 (16.02.2000) 水曜日 16時35分55秒

H802-PCT

0-1	受理官庁記入欄 国際出願番号。	
0-2	国際出願日	
0-3	(受付印)	
0-4	様式-PCT/R0/101 この特許協力条約に基づく国 際出願願書は、 右記によって作成された。	
0-4-1		PCT-EASY Version 2.90 (updated 15.12.1999)
0-5	申立て 出願人は、この国際出願が特許 協力条約に従って処理されるこ とを請求する。	
0-6	出願人によって指定された受 理官庁	日本国特許庁 (R0/JP)
0-7	出願人又は代理人の書類記号	H802-PCT
I	発明の名称	オーロンに糖を転移する活性を有する蛋白質をコードする遺伝子
II	出願人 II-1 この欄に記載した者は II-2 右の指定国についての出願人で ある。 II-4ja 名称 II-4en Name II-5ja あて名: II-5en Address:	出願人である (applicant only) 米国を除くすべての指定国 (all designated States except US) サントリー株式会社 SUNTORY LIMITED 530-8203 日本国 大阪府 大阪市北区堂島浜 2丁目1番40号 1-40, Dojimahama 2-chome, Kita-ku, Osaka-shi, Osaka 530-8203 Japan
II-6	国籍 (国名)	日本国 JP
II-7	住所 (国名)	日本国 JP
III-1	その他の出願人又は発明者 III-1-1 この欄に記載した者は III-1-2 右の指定国についての出願人で ある。 III-1-4ja 氏名 (姓名) III-1-4en Name (LAST, First) III-1-5ja あて名: III-1-5en Address:	出願人及び発明者である (applicant and inventor) 米国のみ (US only) 神原 圭子 SAKAKIBARA, Keiko 617-0002 日本国 京都府 向日市寺戸町西田中瀬 3-1-327 3-1-327, Nishitanakase, Terado-cho, Muko-shi, Kyoto 617-0002 Japan
III-1-6	国籍 (国名)	日本国 JP
III-1-7	住所 (国名)	日本国 JP

特許協力条約に基づく国際出願願書

原本（出願用）- 印刷日時 2000年02月16日 (16.02.2000) 水曜日 16時35分55秒

H802-PCT

III-2 III-2-1	その他の出願人又は発明者 この欄に記載した者は	出願人及び発明者である (applicant and inventor) 米国のみ (US only)
III-2-2	右の指定国についての出願人で ある。	福井 祐子 FUKUI, Yuko
III-2-4ja III-2-4en	氏名(姓名) Name (LAST, First)	617-0002 日本国 大阪府 三島郡島本町水無瀬 2-8-2-907
III-2-5ja	あて名:	2-8-2-907, Minase, Shimamoto-cho, Mishima-gun, Osaka 617-0002 Japan
III-2-5en	Address:	日本国 JP
III-2-6 III-2-7	国籍 (国名) 住所 (国名)	日本国 JP
III-3 III-3-1	その他の出願人又は発明者 この欄に記載した者は	出願人及び発明者である (applicant and inventor) 米国のみ (US only)
III-3-2	右の指定国についての出願人で ある。	田中 良和 TANAKA, Yoshikazu
III-3-4ja III-3-4en	氏名(姓名) Name (LAST, First)	520-0246 日本国 滋賀県 大津市仰木の里 2-7-4
III-3-5ja	あて名:	2-7-4, Ohginosato, Otsu-shi, Shiga 520-0246 Japan
III-3-5en	Address:	日本国 JP
III-3-6 III-3-7	国籍 (国名) 住所 (国名)	日本国 JP
III-4 III-4-1	その他の出願人又は発明者 この欄に記載した者は	出願人及び発明者である (applicant and inventor) 米国のみ (US only)
III-4-2	右の指定国についての出願人で ある。	久住 高章 KUSUMI, Takaaki
III-4-4ja III-4-4en	氏名(姓名) Name (LAST, First)	564-0073 日本国 大阪府 吹田市山手町 2-12-21-402
III-4-5ja	あて名:	2-12-21-402, Yamate-cho, Suita-shi, Osaka 564-0073 Japan
III-4-5en	Address:	日本国 JP
III-4-6 III-4-7	国籍 (国名) 住所 (国名)	日本国 JP

特許協力条約に基づく国際出願願書

原本(出願用) - 印刷日時 2000年02月16日 (16.02.2000) 水曜日 16時35分55秒

H802-PCT

III-5 III-5-1	その他の出願人又は発明者 この欄に記載した者は	出願人及び発明者である (applicant and inventor) 米国のみ (US only)
III-5-2	右の指定国についての出願人である。 氏名(姓名) Name (LAST, First)	吉川 孝文 YOSHIKAWA, Takafumi 253-0024 日本国 神奈川県 茅ヶ崎市平和町 6-31 6-31, Heiwa-cho, Chigasaki-shi, Kanagawa 253-0024 Japan
III-5-5ja III-5-5en	あて名: Address:	日本国 JP
III-5-6 III-5-7	国籍(国名) 住所(国名)	日本国 JP
IV-1	代理人又は共通の代表者、通知のあて名 下記の者は国際機関において右記のごとく出願人のために行動する。 氏名(姓名) Name (LAST, First)	代理人 (agent) 石田 敬 ISHIDA, Takashi 105-8423 日本国 東京都 港区虎ノ門 三丁目5番1号 虎ノ門37森ビル 青和特許法律事務所 A. AOKI, ISHIDA & ASSOCIATES Toranomon 37 Mori Bldg., 5-1, Toranomon 3-chome, Minato-ku, Tokyo 105-8423 Japan 03-5470-1900 03-5470-1911
IV-1-2en	あて名: Address:	
IV-1-3 IV-1-4	電話番号 ファクシミリ番号	
IV-2	その他の代理人	筆頭代理人と同じあて名を有する代理人 (additional agent(s) with same address as first named agent)
IV-2-1ja IV-2-1en	氏名 Name(s)	鶴田 準一; 福本 積; 西山 雅也 TSURUTA, Junichi; FUKUMOTO, Tsumoru; NISHIYAMA, Masaya
V V-1	国指定 広域特許 (他の種類の保護又は取扱いを 求める場合には括弧内に記載す る。)	EP: AT BE CH&LI CY DE DK ES FI FR GB GR IE IT LU MC NL PT SE 及びヨーロッパ特許条約と特許協力条約の締約国 である他の国
V-2	国内特許 (他の種類の保護又は取扱いを 求める場合には括弧内に記載す る。)	AU CA JP NZ US

特許協力条約に基づく国際出願願書

原本(出願用) - 印刷日時 2000年02月16日 (16.02.2000) 水曜日 16時35分55秒

H802-PCT

V-5	指定の確認の宣言 出願人は、上記の指定に加えて、規則4.9(b)の規定に基づき、特許協力条約のもとで認められる他の全ての国の指定を行う。ただし、V-6欄に示した国の指定を除く。出願人は、これらの追加される指定が確認を条件としていること、並びに優先日から15月が経過する前にその確認がなされない指定は、この期間の経過時に、出願人によって取り下げられたものとみなされることを宣言する。	
V-6	指定の確認から除かれる国 なし (NONE)	
VI-1	先の国内出願に基づく優先権主張 先の出願日 1999年02月16日 (16.02.1999) 先の出願番号 特願平11-36801号 国名 日本国 JP	
VII-1	特定された国際調査機関 (ISA) 日本国特許庁 (ISA/JP)	
VIII	照合欄	用紙の枚数
VIII-1	願書	5
VIII-2	明細書(配列表を除く)	19
VIII-3	請求の範囲	2
VIII-4	要約	1
VIII-5	図面	2
VIII-6	明細書の配列表	23
VIII-7	合計	52
VIII-8	添付書類	添付
VIII-9	手数料計算用紙	✓
VIII-10	別個の記名押印された委任状	✓
VIII-11	計算機読み取可能な媒体によるカレオチ、及び/又はアノハ配列表	別個のフレキシブルディスク
VIII-12	PCT-EASYディスク	フレキシブルディスク
VIII-13	その他	納付する手数料に相当する特許印紙を貼付した書面
VIII-14	その他	陳述書
VIII-15	その他	フレキシブルディスクの記録形式等の情報を記録した書面
VIII-16	要約書とともに提示する図の番号	
VIII-17	国際出願の使用言語名:	日本語 (Japanese)
IX-1	提出者の記名押印	
IX-1-1	氏名(姓名)	石田 敬
IX-2	提出者の記名押印	
IX-2-1	氏名(姓名)	鶴田 準一

特許協力条約に基づく国際出願願書

原本(出願用) - 印刷日時 2000年02月16日 (16.02.2000) 水曜日 16時35分55秒

H802-PCT

IX-3	提出者の記名押印	
IX-3-1	氏名(姓名)	福本 積
IX-4	提出者の記名押印	
IX-4-1	氏名(姓名)	西山 雅也

受理官庁記入欄

10-1	国際出願として提出された書類の実際の受理の日	
10-2	図面 :	
10-2-1	受理された	
10-2-2	不足図面がある	
10-3	国際出願として提出された書類を補完する書類又は図面であってその後期間内に提出されたものの実際の受理の日(訂正日)	
10-4	特許協力条約第11条(2)に基づく必要な補完の期間内の受理の日	
10-5	出願人により特定された国際調査機関	ISA/JP
10-6	調査手数料未払いにつき、国際調査機関に調査用写しを送付していない	

国際事務局記入欄

11-1	記録原本の受理の日	
------	-----------	--

PCT

世界知的所有権機関
国際事務局
特許協力条約に基づいて公開された国際出願



(51) 国際特許分類7 C12N 15/54, 1/21, 9/10, A01H 5/00, C12P 19/18 // (C12N 1/21, C12R 1:19)		A1	(11) 国際公開番号 WO00/49155 (43) 国際公開日 2000年8月24日 (24.08.00)
(21) 国際出願番号 PCT/JP00/00876	(22) 国際出願日 2000年2月16日 (16.02.00)	(74) 代理人 石田 敬, 外 (ISHIDA, Takashi et al.) 〒105-8423 東京都港区虎ノ門三丁目5番1号 虎ノ門37森ビル 青和特許法律事務所 Tokyo, (JP)	(30) 優先権データ 特願平11/36801 1999年2月16日 (16.02.99) JP (71) 出願人 (米国を除くすべての指定国について) サントリー株式会社 (SUNTORY LIMITED) [JP/JP] 〒530-8203 大阪府大阪市北区堂島浜2丁目1番40号 Osaka, (JP) (72) 発明者 ; および (75) 発明者 / 出願人 (米国についてのみ) 榎原圭子 (SAKAKIBARA, Keiko) [JP/JP] 〒617-0002 京都府向日市寺戸町西田中瀬3-1-327 Kyoto, (JP) 福井祐子 (FUKUI, Yuko) [JP/JP] 〒617-0002 大阪府三島郡島本町水無瀬2-8-2-907 Osaka, (JP) 田中良和 (TANAKA, Yoshikazu) [JP/JP] 〒520-0246 滋賀県大津市仰木の里2-7-4 Shiga, (JP) 久住高章 (KUSUMI, Takaaki) [JP/JP] 〒564-0073 大阪府吹田市山手町2-12-21-402 Osaka, (JP) 吉川孝文 (YOSHIKAWA, Takafumi) [JP/JP] 〒253-0024 神奈川県茅ヶ崎市平和町6-31 Kanagawa, (JP)

(54) Title: GENES ENCODING PROTEINS HAVING ACTIVITY OF TRANSFERRING SUGAR ONTO AURONE

(54) 発明の名称 オーロンに糖を転移する活性を有する蛋白質をコードする遺伝子

(57) Abstract

Genes which encode proteins originating in, for example, petunia or antirrhinum and having the amino acid sequences represented by SEQ ID NOS: 2, 8 and 10; a method for expressing the proteins by using these genes, etc. By transferring such a gene into a plant free from this gene, a yellow pigment aurone can be stabilized and thus a plant with yellow flowers can be obtained.